

18/5/10  
DIALOG(R) File 351:Derwent WPI  
(c) 2001 Derwent Info Ltd. All rts. reserv.

008289227

WPI Acc No: 1990-176228/199023  
Related WPI Acc No: 1990-133847  
XRAM Acc No: C90-076847

Human serum albumin prepn. by yeast host - by culturing transformed  
plasmid yeast to produce serum, and removing it  
Patent Assignee: TOA NENRYO KOGYO KK (TOFU )  
Number of Countries: 001 Number of Patents: 001  
Patent Family:

Patent No	Kind	Date	Applicat No	Kind	Date	Week
JP 2117384	A	19900501	JP 88268302	A	19881026	199023 B

Priority Applications (No Type Date): JP 88268302 A 19881026

Abstract (Basic): JP 2117384 A

DNA which has leader sequence coded by codon translated efficiently  
in yeast of the prepro sequence of human serum albumin A is claimed,  
and cDNA that codes human serum albumin A is further down than leader  
sequence. DNA has the human serum albumin A coding cDNA and poly (A)  
sequence existing further down than the cDNA. DNA has a leader sequence  
coded by codon-muli used in yeast of the prepro sequence of human serum  
albumin A, human serum albumin A coding cDNA, and poly (A) sequence in  
that order. DNA of (1) or (2) is further claimed in which the leader  
sequence is formulated as (I). Expression plasmid is claimed in which  
DNA is inserted between promoter and terminator that can function in  
yeast, in expressible direction. And further claimed is yeast which is  
transformed by expression plasmid and prepn. of matured human serum  
albumin A by culturing yeast to produce and secrete matured human serum  
albumin A, and by -. collecting it.

USE/ADVANTAGE - Matured human serum can be produced and secreted in  
soluble form and in the same stereo structure with natural serum  
albumin A exogenously. Recovery and purificn. of the prod. can be  
proceeded easily, and mass-prodn. of human serum albumin is possible.  
(27pp Dwg.No.0/0)

Title Terms: HUMAN; SERUM; ALBUMIN; PREPARATION; YEAST; HOST; CULTURE;  
TRANSFORM; PLASMID; YEAST; PRODUCE; SERUM; REMOVE

Derwent Class: B04; D16

International Patent Class (Additional): C12N-001/19; C12N-015/14;

C12P-021/02; C12R-001/86

File Segment: CPI

## ⑫ 公開特許公報(A)

平2-117384

⑤ Int. Cl.<sup>3</sup>C 12 N 15/14  
1/19  
C 12 P 21/02

識別記号

ZNA

庁内整理番号

7421-4B  
8214-4B  
8717-4B

④ 公開 平成2年(1990)5月1日

C 12 N 15/00

A※

審査請求 未請求 請求項の数 7 (全27頁)

⑭ 発明の名称 酵母宿主によるヒト血清アルブミンAの製造

⑯ 特 願 昭63-268302

⑰ 出 願 昭63(1988)10月26日

⑱ 発 明 者 鈴 木 正 則 埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡1丁目3番1号 東亜燃料工業株式会社総合研究所内

⑱ 発 明 者 八 木 慎 太 郎 埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡1丁目3番1号 東亜燃料工業株式会社総合研究所内

⑱ 発 明 者 榎 昇 埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡1丁目3番1号 東亜燃料工業株式会社総合研究所内

⑲ 出 願 人 東亜燃料工業株式会社 東京都千代田区一ツ橋1丁目1番1号

⑳ 代 理 人 弁理士 青 木 朗 外4名

最終頁に続く

## 明 細 書

## 1. 発明の名称

酵母宿主によるヒト血清アルブミンAの製造

## 2. 特許請求の範囲

1. ヒト血清アルブミンAのブレブロ配列を酵母により効率的に翻訳されるコドンによりコードしているリーダー配列と該リーダー配列の下流に存在するヒト血清アルブミンAをコードするcDNAとを有するDNA。

2. ヒト血清アルブミンAをコードするcDNAと該cDNAの下流に存在するポリ(A)配列とを有するDNA。

3. ヒト血清アルブミンAのブレブロ配列を酵母により多用されるコドンによりコードしているリーダー配列、ヒト血清アルブミンAをコードするcDNA、及びポリ(A)配列をこの順序で有するDNA。

## 4. 前記リーダー配列が次の式：

ATG AAG TGG GTT ACT TTC ATC TCT TTG TTG  
TAC TTC ACC CAA TGA AAC TAG AGA AAC AAC  
Met Lys Trp Val Thr Phe Ile Ser Leu Leu

TTC TTG TTC TCT TCT GCT TAC TCT AGA GGT  
AAG AAC AAG AGA AGA CGA ATG AGA TCT CCA  
Phe Leu Phe Ser Ser Ala Tyr Ser Arg Gly

GTT TTC AGA CGC  
CAA AAG TCT GCG  
Val Phe Arg Arg

で表わされる、請求項1又は2に記載のDNA。

5. 酵母で機能し得るプロモーターとターミネーターとの間に請求項3に記載のDNAが発現可能な方向に挿入されている発現プラスミド。

6. 請求項5に記載の発現プラスミドにより形質転換された酵母。

7. 請求項6に記載の酵母を培養し、成熟ヒト血清アルブミンAを産生・分泌せしめ、これを採取することを特徴とする成熟ヒト血清アルブミンAの製造方法。

## 3. 発明の詳細な説明

(産業上の利用分野)

本発明は成熟ヒト血清アルブミンAの酵母によ

る製造方法、及びそのための遺伝子系に関する。  
この方法によれば成熟型のヒト血清アルブミンAが細胞外に分泌されるため、その回収・精製が簡単となり、工業的製造のために極めて好ましい。

#### 〔従来の技術〕

今まで、遺伝子工学的的方法によりヒト血清アルブミンを製造するための方法として、大腸菌を用いる方法〔Lawn 等、Nucleic Acids Res. 9, 6103-6114, 1981; Latta等、Biotechnology 5, 1309-1314, (1987); 特開昭58-150517〕、枯草菌を用いる方法〔Saunders等、J. Bacteriol. 169, 2917-2925, (1987)〕、及び酵母を用いる方法〔Elcheverry等、Biotechnology 4, 726-730, (1986)〕が知られている。しかしながら、これらの方法により製造される血清アルブミンは正常なヒト血清アルブミンとはアミノ酸配列を幾分異にし、また生産された血清アルブミンは不溶化沈澱となったり、シグナルペプチドのプロセッシング効率が低い、細胞外への分泌が困難である、等の問題点を有す

ると報告されている。

#### 〔発明が解決しようとする課題〕

従って、本発明は成熟ヒト血清アルブミンAを可溶性の形で、且つ天然血清アルブミンAと同じ立体構造において細胞外に分泌せしめ、これによって回収・精製を容易にすることにより大量のヒト血清アルブミンを工業的に製造することができる方法を提供しようとするものである。

#### 〔課題を解決するための手段〕

上記の目的を達成するため、本発明は(1)ヒト血清アルブミンAのブレプロ配列を酵母により効率的に翻訳されるコドンによりコードしているリーダー配列と該リーダー配列の下流に存在するヒト血清アルブミンAをコードするcDNAとを有するDNA;(2)ヒト血清アルブミンAをコードするcDNAと該cDNAの下流に存在するポリ(A)配列とを有するDNA;(3)ヒト血清アルブミンAのブレプロ配列を酵母により多用されるコドン

によりコードしているリーダー配列、ヒト血清アルブミンAをコードするcDNA、及びポリ(A)配列をこの順序で有するDNA;(4)酵母で機能し得るプロモーターとターミネーターとの間に前記(3)に記載のDNAが発現可能な方向に挿入されている発現プラスミド;(5)前記(4)に記載の発現ベクターにより形質転換された酵母;及び(6)前記(5)に記載の酵母を培養し、成熟ヒト血清アルブミンAを産生・分泌せしめ、これを採取することを特徴とする成熟ヒト血清アルブミンAの製造方法を提供する。

#### 〔具体的な記載〕

##### 1. 遺伝子系

##### 宿主

正常ヒト血清アルブミンは分子内に多くのジスルフィド結合を含有しており、組換えDNA法によって天然物と同じ立体構造を有する正常ヒト血清アルブミンを製造するには、これらのジスルフィド結合が生産宿主細胞中で正しく形成されることが必須である。正常な立体構造の形成にはプロ

テインジスルフィドイソメラーゼ、ペプチジルプロリルcis-trans イソメラーゼ等の酵素が関与していることが最近明らかになり、多数のS-S結合を有し複雑な立体構造をとる蛋白質を殆ど含まない大腸菌や枯草菌のような原核生物細胞ではたとえあってもこのような立体構造形成(フォールディング)関連酵素系の働きは強くないことが予想される。一方、ヒトをはじめとする真核高等生物の細胞は数多くの複雑な高次構造を有する蛋白質(糖蛋白質や他の修飾蛋白質も含む)を細胞外に分泌することが知られているが、下等真核微生物である酵母菌でも、哺乳動物の細胞で蛋白質が分泌されるのと非常によく似た経路により蛋白質が分泌されることが知られている〔Huffaker, T.C. and Robbins, P.W.J. Biol. Chem. 257, 3203-3210 (1982); Snider, M.D. in Ginsburg, V. & Robbins, P.W. (eds.) Biology of Carbohydrates, Vol. 2, Wiley, New York, (1984), pp. 163-198〕。このため異種生物由来(特に哺乳動物)の遺伝子(主としてcDNA)を酵母菌内で発現させ遺伝子産物である

蛋白質を、細胞外に分泌せしめようとする実験が最近多く試みられてきた。たとえばヒトインターフェロン $\alpha$ 、 $\alpha_4$ 、 $\gamma$  (Hitzeman, R. A., Leung, D. W., Perry, L. J., Kohr, W. J., Levine, H. L., Goeddel, D. V. Science 219, 620-625 (1983))、仔ウシプロキモシン (Smith, R. A., Duncan, M. J., Moir, D. T. Science 229, 1219-1224 (1985))、ヒト上皮成長因子 (Brake, A. J., Merryweather, J. P., Coit, D. G., Heberlein, U. A., Masiarz, P. R., Mullenbach, G. T., Urdea, M. S., Valenzuela, P., Barr, P. J. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 81, 4642-4646 (1984))、マウスインターロイキン2 (Miyajima, A., Bond, M. W., Otsu, K., Arai, K., Arai, N. Gene 37, 155-161 (1985))、ヒト $\beta$ -エンドルフィン (Bitter, G. A., Chen, K. K., Danks, A. R., Lai, P.-H. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 81, 5530-5534 (1984))などで酵母菌による細胞外分泌が報告されているが、その分泌効率はマウスインターロイキン2の約80%からヒトインターフェロンの4~10%まで目的とする蛋白質によりかなりの差がある。又、これらのうちその蛋白

質自身のシグナルペプチドを用いて細胞内輸送を試み、そのシグナルペプチドがうまく切断されて分泌することに成功しているものはヒトインターフェロンである。その他のものは酵母インペルターゼ(SUC2)のシグナルペプチドや接合因子 $\alpha 1$ (MF $\alpha 1$ )のシグナル配列など酵母の蛋白質の細胞内輸送に必要なシグナル配列を目的とする成熟蛋白質に直接融合した形で発現させ、細胞内輸送を行わせたものである。さらに正しい位置でプロセッシングを受けていることが明らかなものは少なく、ヒトインターフェロンの場合は約半分が正しいプロセッシングを受けているが、ヒト $\beta$ -エンドルフィンではペプチド内部でも切断を受けている。

酵母菌を宿主として用いる遺伝子工学的物質生産の特徴としては以下のようなものがある。

1. 大量高密度培養による発酵生産が容易かつ経済的である。また動植物の培養細胞系と比較して厳密に管理制御された培養装置を特別必要としない。
2. 発酵生産に多くの経験が蓄積されている。

3. 分子遺伝学的な知識が急速に蓄積されつつある。

4. 外来性の遺伝物質を細胞内及びゲノム内に取り込ませることが容易である。

5. 蛋白質の細胞内輸送及び、細胞外分泌の遺伝学及び生理学に対する理解が急速に高まってきている。

6. 適切なプラスミドベクターを選択すれば、外来性の遺伝子をエピソード状態(YEp系プラスミド使用)、ゲノムに組み込ませた状態(YIpプラスミド使用)、酵母のセントロメアを含み細胞分裂に伴い染色体DNAとともに複製できる状態(YCpプラスミド使用)、及び酵母の自律複製配列(ARS)を含み自律的に複製できる状態(YRpプラスミド使用)の4種の状態におくことができる。

7. シグナルペプチドやプロ配列などの細胞内プロセッシング機能がある。

8. 酵母菌で合成される糖蛋白質に見い出される糖鎖は高等動植物の糖蛋白質における複合型糖

鎖とは異なる高マンノース型糖鎖ではあるが、酵母菌の小胞体で起こるコア糖鎖の付加は高等動物と共通した過程であり、両者における相違は外側の糖鎖の付加に見られるのみである。

9. ビタミン、微量因子等の添加により完全合成培地で形質転換体を生育させることができる。

10. 純粋なグルコースでなく粗製の糖源を利用しても形質転換体を生育させることができる。

この様な背景に基づいて、本発明においては酵母を宿主として使用する。

(ブレプロ配列)

ヒト血清アルブミンを酵母細胞中で発現せしめ、これを効率よく分泌せしめるためには、成熟ヒト血清アルブミンのN-末端にブレプロ配列が存在する必要がある。また、このブレプロ配列は目的蛋白質の分泌の際に切除されて該目的蛋白質が成熟型で分泌される必要がある。このため本発明においては、この様な条件を満たすブレプロ配列としてヒト血清アルブミンの本来のブレプロ配列を使用する。

酵母における蛋白質の発現を増強するためには、該蛋白質のN-末端領域をコードするコドンとして、酵母中で効率よく翻訳されるコドンを使用するのが好ましい。このため、本発明においては、前記ブレプロ配列をコードするDNA配列として、酵母において効率よく発現される遺伝子において高頻度で使用されるコドンから構成される合成DNA配列を使用する。この様なコドンとして例えば次のコドンを用いる。

Lys=AAG	Trp-TGG	Val-GTT	Thr=ACT
Phe-TTC	Ile-ATC	Ser-TCT	Leu-TTG
Ala-GCT	Tyr-TAC	Arg-AGA	Gly-GGT

ブレプロ配列をコードするDNA部分の一例として次の配列を用いることができる。

```

AA  TTC  ATG  AAG  TGG  GTT  ACT  TTC  ATC  TCT  TTG
      G  TAC  TTC  ACC  CAA  TGA  AAG  TAG  AGA  AAC
      Met  Lys  Trp  Val  Thr  Phe  Ile  Ser  Leu
  
```

→  
EcoRI

```

TTG  TTC  TTG  TTC  TCT  TCT  GCT  TAC  TCT  AGA
AAC  AAG  AAC  AAG  AGA  AGA  CGA  ATG  AGA  TCT
Leu  Phe  Leu  Phe  Ser  Ser  Ala  Tyr  Ser  Arg
  
```

```

GGT  GTT  TTC  AGA  CG
CCA  CAA  AAG  TCT  GCG  C
Gly  Val  Phe  Arg  Arg
  
```

#### ポリA配列及びAATAAAシグナル

コード配列の3'-末端の下流に存在するポリA配列及びAATAAAシグナルが真核生物のmRNAの安定性に寄与すると言われている(Bergmann及びBrawerman Biochemistry, 16, 259-264(1977); Huezら, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 78, 908-911(1981))。従って、本発明の好ましい態様においては、ヒト血清アルブミンAをコードするcDNAの下流にこれらの配列を配置する。ポリA配列及びAATAAAシグナルとしては、例えばヒト血清アルブミンA cDNAに自然に付随しているこれらの配列を使用することができる。これらの配列を含有するヒト血清アルブミンA遺伝子はすでにクローン化されており、特願昭63-037453に記載されている。これらの配列の供給源として例えばλgt 11 (HSA-1A)を使用することができ、その作製方法を参考例において後記する。

#### プロモーター

本発明においては、酵母細胞中で機能するものであればいずれのプロモーターを使用することも

上記の配列のN-末端のMetのコドンの上流にはEcoRI粘着末端が設けられており、この制限酵素部位により上記配列はベクターに挿入される。また、上記ブレプロ配列のC-末端のArgのコドンとしては、酵母での翻訳のために好ましいとして上記したコドンではなく、CGCが採用されており、これにより5'-末端をClaIにより切断した成熟ヒト血清アルブミン遺伝子と連結することができる。

#### ヒト血清アルブミンA遺伝子

ヒト血清アルブミンAをコードする遺伝子(cDNA)はすでにクローン化されており、その塩基配列及び塩基配列から推定されるアミノ酸配列は、特願昭63-037453に詳細に記載されている。従って本発明においては、このcDNAを含有するプラスミドpUC・HSA・CH等をヒト血清アルブミンAをコードする遺伝子の供給源として使用することができる。なお、これらのプラスミドの作製方法を参考例として後記する。

できる。しかしながら本発明においては誘導可能なプロモーターではなく構成的プロモーターを使用するのが好ましい。誘導可能なプロモーターを使用して誘導操作を行った場合にはヒト血清アルブミンが細胞内に急激に蓄積し、分子間ジスルフィド結合が形成されて非天然型の立体構造を有する分子が生成する可能性があるからである。

弱い誘発性を示すか又は構成的の酵母プロモーターの内、強力な活性を持つものとしては、例えば、アルコールデヒドロゲナーゼ(ADH I)プロモーター、グリセルアルデヒド-3-リン酸デヒドロゲナーゼ(GAP)プロモーター、及びグリセリン酸リン酸キナーゼ(PGK)プロモーターがあり、本発明においては、ADH Iプロモーターを例にとって具体的に説明する。

酵母ADH I遺伝子(ADC I)を含む約2,100塩基対の領域の塩基配列が既に決定されており、ADH Iをコードする約1,100塩基対の配列の他に750塩基対の5'側非翻訳配列と320塩基対の3'側非翻訳配列が判明している(Bennetzen, J. および

Hall, B. J. Biol. Chem. 257, 3018-3025(1982))。転写においてRNAポリメラーゼによる認識配列と考えられているGoldberg-Hognessボックス(TATAボックス)は翻訳開始コドンATGの128塩基上流(-128の位置)にあり、ADH Iプロモーター活性は-410の位置にあるSph I認識部位より上流を欠失させても失われまいといわれている(Beier及びYoung, Nature 300, 724-728(1982))。ADH Iプロモーターによる転写物は通常の酵母菌で全ポリ(A) RNAの少なくとも1%に達する(Anwerer, G. Methods Enzymol. 101, 192-201(1983))。

#### ターミネーター

転写における読み越し(read-through)により遺伝子生成物の量が減少する例が報告されている(例えば、Zaret, K. S. 及びSherman, F., Cell 28, 563-573, (1982))。この現象を防止するためには発現されるべき構造遺伝子の下流にターミネーターを設けるのが好ましい。酵母ターミネーターを外来遺伝子の下流に配置し、遺伝子の発現を上昇させた例としてはたとえばPGKプロモーター／

ターミネーターからなるサンドイッチベクターを用いて子牛キモシンを発現させた実験があり、ターミネーターの導入により数倍〜十倍程度の発現上昇が報告されている(MellorらGene 24, 1-14(1983))。このような目的のためのターミネーターとしてはさまざまな遺伝子由来のものが使用でき、たとえばTRP5(トリプトファン合成酵素)遺伝子やCYC1(イソ-1-チトクロームC)遺伝子などのターミネーターが利用されている。強力なプロモーターが関与する転写の場合、リードスルーを防ぐために強力なターミネーターがその下流に配置されている方が発現の制御に好都合と考えられる。このため本発明においては例えば強力なプロモーターを有する遺伝子のターミネーターであるADH Iターミネーター、GAPターミネーター等を用いるのが好ましい。

#### ベクター要素

以上、本発明の発現プラスミド中に含有される、発現に直接関連する要素について説明したが、本発明の発現プラスミドは、さらに、酵母複製起点

及び標識遺伝子を含有しなければならない。酵母複製起点としては、例えば酵母由来の2 $\mu$ プラスミドDNAの複製起点等を使用することができる。標識遺伝子としては、宿主に薬剤耐性を付与する遺伝子、宿主の栄養要求性を補完する遺伝子等、常用の標識遺伝子を用いることができる。さらに、プラスミドの組換え操作の際にプラスミドの複製を大腸菌中で行わせる必要があるため、本発明のプラスミドは大腸菌複製起点及び標識遺伝子を含むシャトルベクターであることが好ましい。この様な、シャトルベクターとしての基本的要件を備えたベクターとして市販のプラスミドpJDB 207等を用いることができる。このプラスミドpJDB 207中の酵母標識遺伝子は、ロイシン生合成酵素である $\beta$ -イソプロピルリンゴ酸脱水素酵素をコードするLEU2遺伝子である。

#### 発現プラスミド

従って本発明の好ましい発現プラスミドにおいては、酵母複製起点及び標識遺伝子並びに大腸菌複製起点及び標識遺伝子を含んでなるシャトルベ

クターに、プロモーター、ブレプロ配列をコードするリーダー配列が連結されたヒト血清アルブミンAをコードする遺伝子、ポリA配列及びターミネーターがこの順序で挿入されている。

#### 2. 形質転換

本発明のプラスミドによる宿主酵母の形質転換は常法に従って行うことができ、その具体例を実施例9に記載する。

#### 3. 酵母の培養及びヒト血清アルブミンの回収

ヒト血清アルブミンcDNAを含んだ発現プラスミドにより形質転換された宿主酵母菌は通常の酵母の培養法により培養できる。たとえばYPDのような天然完全培地やSD培地に1%の酵母エキスを加えたような不完全合成培地でも培養できる。

培養後細胞外に分泌されたヒト血清アルブミンの回収は種々の方法で可能である。エタノール、アセトン、硫酸アンモニウムなどによる分別沈澱、等電点沈澱、限外ろ過などによる濃縮及び部分精製を行った後に各種クロマトグラフィーや上記部分精製法を組み合わせれば高度に分泌ヒト血清ア

ルブミンが精製されることが期待できる。

次に、実施例により、この発明をさらに具体的に説明する。以下の実施例において、特にことわらない限り、酵素反応は次の条件下で行った。

EcoRI (ニッポンジーン：12ユニット/ $\mu$ l)、ClaI (ニューイングランドバイオラプス：5ユニット/ $\mu$ l)、HindIII (ニッポンジーン：12ユニット/ $\mu$ l)、XhoI (宝酒造：12ユニット/ $\mu$ l)、及びBamHI (ニッポンジーン：35ユニット/ $\mu$ l)によるDNAの消化：DNA 1  $\mu$ g、酵素1  $\mu$ l、及び10XEcoRI緩衝液(1MTris-HCl(pH7.5)、100mMNaCl、500mMNaCl) 3  $\mu$ lに滅菌蒸留水を加えて30  $\mu$ lとする。37℃、1時間保温して切断を完了させる。SalI (ニッポンジーン：15ユニット/ $\mu$ l)の場合は10XEcoRI緩衝液の代わりに100MTris-HCl(pH7.5)、70mMNaCl、1.75MNaCl、70mM2-メルカプトエタノール、2mMEDTA、0.1%ウシ血清アルブミンを使用する。

バクテリアアルカリ性ホスファターゼ処理：DNA 1  $\mu$ g、制限酵素EcoRI及びHindIII各々1  $\mu$ l及

び10XEcoRI緩衝液2  $\mu$ lに滅菌蒸留水を加えて20  $\mu$ lとし、37℃で1時間保温した後、90℃、5分間加熱して酵素を失活させる。次に滅菌蒸留水38  $\mu$ l、バクテリアアルカリ性ホスファターゼ2  $\mu$ l(宝酒造0.5ユニット/ $\mu$ l)を加えて37℃、1時間保温した後、フェノール抽出を行い、得られた水層をエクノール沈殿に用いる。

T4DNAリガーゼ処理：たとえばベクターDNA 1  $\mu$ g、ベクターDNAと等モル量のDNAフラグメント、10Xリガーゼ緩衝液(660mMTris-HCl(pH7.5)、66mMNaCl、100mMジチオスライトール、1mMATP) 3  $\mu$ l及びT4DNAリガーゼ1  $\mu$ l(宝酒造、約400ユニット/ $\mu$ l)に滅菌蒸留水を加えて30  $\mu$ lとし16℃で一晩保温する。

合成フラグメントのT4ポリヌクレオチドキナーゼによる5'-リン酸化：50MTris-HCl(pH7.6)、10mMNaCl、5mMジチオスライトール、0.2mMATPを含有する溶液(25  $\mu$ l)中でDNAフラグメントの各々の分量(約30picoles)を6ユニットのT4ポリヌクレオチドキナーゼ

(宝酒造)で37℃、60分間処理することにより5'端をリン酸化する。リン酸化されたフラグメントを含む溶液を混ぜ(計100  $\mu$ l)100℃の水浴に5分間放置した後室温で放冷しアニリングを行う。2  $\mu$ lのT4DNAリガーゼを加え16℃で一晩保温し、フラグメント間を連結し、二本鎖フラグメントとする。

大腸菌DNAポリメラーゼI反応：DNA 1  $\mu$ g、DNAポリメラーゼI(Klenowフラグメント、宝酒造3.5ユニット/ $\mu$ l) 1  $\mu$ l、1mMdXTP(dATP, dGTP, dCTP, TTPの混合物) 1  $\mu$ l及び10X緩衝液(70mMTris-HCl(pH7.5)、1mMEDTA、200mMNaCl、70mMNaCl) 3  $\mu$ lに滅菌蒸留水を加えて全量を30  $\mu$ lとし、37℃で30分間保温する。

プローブの標識：

1  $\mu$ gの合成DNA、50  $\mu$ Ciの $\gamma$ -<sup>32</sup>P-ATP水溶液(3000Ci/ $\mu$ mol)、(50mMTris-HCl(pH7.5)、10mMNaCl、5mMDTT、10ユニットT4ポリヌクレオチドキナーゼ(宝酒造)を含む10  $\mu$ lの溶液を37℃で1時間反応後、未反応の

ヌクレオチドをNick-column(ファルマシア)を用い、メーカーのプロトコールにのっとり除き、

<sup>32</sup>Pで標識されたDNAを得る(1 $\times$ 10<sup>8</sup>cpm/1  $\mu$ gDNA/400  $\mu$ l)。

ハイブリダイゼーション：

DNAを固定した膜をハイブリダイゼーション液(6 $\times$ SSC(1 $\times$ SSCは0.15MNaCl、0.015Mクエン酸ナトリウム、pH7.0)、5 $\times$ デンハート液(0.1%ウシ血清アルブミン、0.1%フィコール、0.1%ポリビニルピロリドン)、0.5%SDS、100 $\mu$ g変性サケ精子DNA) 10  $\mu$ l中で、42℃、3時間保温する。液を捨て、プローブを1 $\times$ 10<sup>8</sup>cpm/ $\mu$ l加えたハイブリダイゼーション液10  $\mu$ lを加え、80℃、3分保温する。次に、42℃で一晩保温する。液を捨て、膜を2 $\times$ SSCにより室温で5分洗い、さらに2 $\times$ SSCにより60℃で30分洗う。

なお、酵素反応によりプラスミドを作製する場合には、その酵素反応混合物を用いて大腸菌HB101を常法に従って形質転換し、大腸菌標識遺伝子に

依存して適切な常法により形質転換体を選択し、目的とするプラスミドを含有するクローンを例えばミニプレベレーション法により形質転換体から抽出したDNAを種々の制限酵素で切断して電気泳動法により分析する方法(たとえば Maniatis, T., Fritsch, E. F., & Sambrook, J. Molecular cloning A Laboratory Manual Cold Spring Harbor Laboratory 1982)により選択した。そして選択されたクローンを培養し、菌体から常法に従ってプラスミドDNAを抽出することにより、所望の組換えプラスミドを増幅・回収した。この方法は組換え操作の各段階により必要に応じて行った。

#### 実施例1. ブレブロ配列をコードするDNAの合成

次の配列を有する4種類のオリゴヌクレオチド:

1. AATTCATGAAGTGGGTACTTTTCATCTCTTTGTTGTT
2. AGAACAACAACAACAAGAGATGAAAGTAACCCACTTCATG
3. CTTGTTCTCTTCTGCTTACTCTAGAGGTGTTTTCAGACG
4. CGCGTCTGAAAACACCTCTAGAGTAAGCAGAAG

を、Matteucci, M. D. 及び Caruthers, M. H., Tetrahe-

dron Letters 21, 719 (1980) に記載されているホスホアミグイト法により、自動DNA合成機 (Applied Biosystemsモデル380B) を用いて合成した。オリゴヌクレオチド断片をT4ポリヌクレオチドキナーゼにより5'-リン酸化した後、アニールングせしめ、次にT4DNAリガーゼにより連結して、ブレブロ配列をコードする一個の二本鎖DNAを得た。この二本鎖DNAは前記の構造を有する。

#### 実施例2. ブレブロ配列をコードする合成DNAと成熟ヒト血清アルブミンAをコードするcDNAとの連結(第1図)

正常ヒト血清アルブミンAのcDNAを含むプラスミドpUC-HSA-CH (参考例2) を制限酵素EcoRI及びClnIで二重消化して大きい方のフラグメントを得、これを前記の合成DNAとT4DNAリガーゼにより結合させプラスミドpUC-HSA-EHを作成した。pUC-HSA-EHプラスミドをEcoRIで処理し開環し、バクテリアアルカリ性ホスファターゼで5'-リン酸基を除去後、



の配列から成るXhoI認識部位を含むXhoIリンカーとT4DNAリガーゼにより結合させ現状プラスミドpUC-X-HSAを作成した。

#### 実施例3. ポリA配列及びAATAAAシグナル配列の挿入(第1図)

ヒト血清アルブミンAのcDNAの3'側領域を含有するλgt11(HSA-1A) (参考例1、第8図) をEcoRIにより消化してヒト血清アルブミンAのcDNAを含有するDNAフラグメントを得、これをEcoRIにより切断したプラスミドpUC18に連結してプラスミドpUC-HSA-1'を得た。このプラスミドpUC-HSA-1'をHindIIIで切断しHSAのポリA配列及びAATAAAシグナルを含む小さい方のフラグメントを得て、これをHindIII処理で開環しアルカリ性ホスファターゼで処理して末端の5'リン酸基を除去したpUC-X-HSAに組み込みpUC-X-HSA-Aプラスミドを作成した。

#### 実施例4. プラスミドpJDB-NeOの作製(第2図)

基本となる大腸菌-酵母菌シャトルベクターとして市販されているプラスミドpJDB207(アマシャ

ム)を使用した。また、NeO〔アミノグルコシドホスホトランスフェラーゼ3' (I)〕遺伝子源として市販されているプラスミドpNeO (ファルマシア)を使用した。プラスミドpNeOをHindIII及びEcoRIにより二重消化し、大きい方のフラグメントを得た。次に、下記の配列:



を有する二本鎖オリゴヌクレオチドを、前記pNeOの大きい方のフラグメントにT4DNAリガーゼを用いて連結・環状化してプラスミドpNeO-PLを得た。前記二本鎖オリゴヌクレオチドは5'-末端にEcoRI粘性末端配列を有し、3'-末端にHindIII末端を有するほか、内部にHindIII、XhoI及びSmaI部位を有する。従って前記プラスミドpNeO-PLはNeO遺伝子の上流に複数の制限酵素切断部位を有する。次に、このプラスミドpNeO-PLをHindIII及びBamHIにより二重消化し、1.4Kbフラグメントを得た。プラスミドpJDB207をHindIII及



びBamHIにより二重消化し、2  $\mu$ g酵母複製起点及び標識遺伝子LEU 2等を含有するベクターフラグメントを得た。次に、これらのフラグメントをT4DNA リガーゼにより連結することによりプラスミドpJDB-NeOを得た。

#### 実施例5. 酵母ADHIプロモーター配列のクローニング (第3図)

酵母菌AH22株の染色体DNA 100  $\mu$ gを1ユニットのSau3AIと37℃、15分反応させた(200  $\mu$ lの50 mM Tris-HCl (pH 7.5)、7 mM MgCl<sub>2</sub>、50 mM NaCl中)。10  $\mu$ lの0.5 M EDTA (pH 8.0)を加え、65℃10分反応させ、酵素を失活させた。5%  $\beta$ -糖-TBE (TE: 10 mM Tris-HCl (pH 7.5)、1 mM EDTA)と20%  $\beta$ -糖-TBEを用い、密度勾配を全量12  $\mu$ lで作製した。この勾配の上に上記反応液を重層し、ベックマン社のSW41ローターを用い、22 Krpmで15時間、16℃で遠心した。遠心後、各分画について電気泳動を行い、15 kb~20 kbのフラグメントを含む画分に50  $\mu$ lの3 M 酢酸ナトリウム液 (pH 5.2)を加え、次に1

$\mu$ lのエタノールを加え、よく混合した後、-20℃にて一夜静置し、DNAを沈殿させた。遠心(15 Krpm、5分、4℃)により、DNA沈澱を回収した。この沈澱を70%エタノールで洗った後、減圧乾燥した。以上の操作により、5  $\mu$ gのDNAを得た。

このDNA 1  $\mu$ gを2  $\mu$ gのEMBL3のフォーム(Stratagene社製)、及び350ユニットのT4DNA リガーゼ(宝酒造)と混ぜ、16℃で一夜反応させた(反応液: 10  $\mu$ lの50 mM Tris-HCl (pH 7.5)、10 mM MgCl<sub>2</sub>、10 mM DTT、1 mM ATP)。上記反応液1  $\mu$ lを用い、GIGA-PACK Plusキット(Stratagene, GGP6-P)により、インビトロ・パッケージング反応を行った。その結果、 $3 \times 10^5$  pfuの、大腸菌P2392株(hsdR 514(rk<sup>-</sup>, mk<sup>-</sup>), supE44, supF58, lacYI, galK2, galT22, metB1, trpR55, (P2))に感染しうるファージを得た。1000 pfuのファージを50  $\mu$ lのP2392細胞に加え、37℃で20分反応させた後、2.5  $\mu$ lのL-Top-Agarose (LB培地(1%トリプトン、0.5%酵母エキス、1% NaCl)中0.7%

アガロース)と共に、直径90 mmのL-プレート(LB培地+1.5%寒天)にまいた。このようなプレートを5枚用意し、37℃にて一夜培養し、ブランクを形成させた。ブランクの形成されたプレートを1時間4℃で保存した。

Hybond-N膜(アマシム)をアガロース面に密着させ、室温に2分静置した。膜をアガロースからはがし、接着面を上にして、0.5 N NaOH、1 M NaClを浸した3 M Mフィルター(Whatman)上に5分間置いた。膜を0.5 M Tris-HCl (pH 7.2)、1.5 M NaClを浸した3 M Mフィルター上に移し、5分静置した。2  $\times$  SSC液で膜を洗い、風乾させた。風乾した膜をサララップで包み、UV照射し、DNAを膜に固定した。この膜を、ADC1遺伝子の翻訳領域のアミノ末端より10残基に相当する塩基配列を化学合成したプローブADH (5' ATG TCT ATC CCA GAA ACT CAA AAA GGT GTT)とハイブリダイゼーションさせた。膜を洗浄後サララップに包み、XAR-5フィルム(コダック社)に密着させ、Intensify screenを用い、-70℃にて5

時間露光させた。

現像後、ハイブリダイゼーションシグナルを与えたブランクをバスツールピペットの先でかきとり、100  $\mu$ lのTM液(10 mM Tris-HCl (pH 7.5)、10 mM MgCl<sub>2</sub>)に懸濁し、室温に20分間静置した。懸濁液0.5  $\mu$ lを1  $\mu$ lのTM液で希釈し、そのうち5  $\mu$ lを前述した方法で大腸菌P2392に感染させ、直径90 mmのプレートにまきブランクを形成させた。形成させたブランクは、再度上記のようにブランクハイブリダイゼーションを行い、単一ブランクからなるポジティブクローンを得た。ポジティブブランクをバスツールピペットの先でかきとり、50  $\mu$ lのP2392細胞に加え、37℃で20分間静置した後、液を2  $\mu$ lのLB培地、10 mM MgSO<sub>4</sub>に加え、37℃で6時間振とう培養した。クロロホルムを100  $\mu$ l加え、ボルテックスミキサーにかけ完全に溶混させた。2,500 rpmで5分遠心し、上清を得た。この上清中に10<sup>10</sup>オーダーのファージが含まれていた。この上清800  $\mu$ lに100  $\mu$ lの5 M NaClを加え、次に540  $\mu$ lのイソプロパノ

ールを加えよくまぜ-20℃で20分間静置した。遠心し、得た沈澱を500 $\mu$ lの70%エタノールで洗い、200 $\mu$ lのTEに溶解させた。

1 $\mu$ l(60ユニット/ $\mu$ l)のDNaseI(宝酒造)と、2 $\mu$ lの1M $\text{MgCl}_2$ を加え、37℃で30分反応させた。100 $\mu$ lのTE飽和フェノールを加え、ボルテックスミキサーで処理した。12Krpm、5分遠心し、得られた水層をフェノール/クロロホルム(1:1)で一回抽出した。得られた水層に20 $\mu$ lの3M酢酸ナトリウム(pH5.2)を加え、さらに500 $\mu$ lのエタノールを加え、遠心してDNAを沈澱させた。得られた沈澱を70%エタノールで洗った後、減圧乾燥させ、そして50 $\mu$ lのTEに溶解した。この操作で1 $\mu$ g相当のファージDNAが得られた。得られた溶液20 $\mu$ lに、2.2 $\mu$ lの10倍濃度EcoRI緩衝液(0.5M $\text{NaCl}$ , 0.5M $\text{Tris-HCl}$ (pH7.5), 7.0M $\text{MgCl}_2$ )を加え、1 $\mu$ l(5ユニット/ $\mu$ l)のEcoRI(ニッポンジーン)と1 $\mu$ lの10 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ のRNaseA(Sigma)を加え、37℃で1時間反応させた。反応後、0.7%アガ

ロース電気泳動を行い、常法に従い、DNAバンドをHybond-N膜にブロッティングさせた。DNAの結合したHybond-N膜は、ブランクハイブリダイゼーションと同一の条件でハイブリダイゼーションを行った。このようにして得られたいくつかのクローンのうち、 $\lambda$ -AD1では、8.4kbのEcoRIフラグメントにプローブが結合することが分かった。残りのDNA溶液のうち20 $\mu$ lを、前述の条件下で、EcoRIにより切断し、0.7%アガロースゲル電気泳動でフラグメントを分離した。8.4kbEcoRIフラグメントを含むアガロース断片を切り出し、グラスパウダー法(Gene Clean™, Bio-101社)により、DNAをアガロースから分離、精製した。

10 $\mu$ lのTE中に溶出されたDNAを、EcoRIで切断したpUC19と連結反応させ(30ng pUC19, 50mM $\text{Tris-HCl}$ (pH7.5), 10mM $\text{MgCl}_2$ , 10mM $\text{DTT}$ , 1mMATP, 350ユニットT4DNAリガーゼ/30 $\mu$ l中, 16℃, 2時間)、反応液5 $\mu$ lを用いて大腸菌JM107を形質転換させた。形質転換した大腸菌を50 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  X-Gal, 5mMITPG, 50 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ アンピ

シリンを含むL-プレート(X-Gプレート)にまき、コロニーを形成させた。発色していないクローンを50 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ アンピシリンを含む5 $\mu\text{l}$ のLB培地に接種し、37℃で一夜培養し、菌を増殖させた。ミニプレパレーション法によりDNAを調製し、最終的に得られたエタノール沈澱を50 $\mu$ lのTEに溶解させた。調製したDNAの内5 $\mu$ lをEcoRIで切断し(50mM $\text{Tris-HCl}$ (pH7.5), 7mM $\text{MgCl}_2$ , 50mM $\text{NaCl}$ , 1 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  RNaseA, 5ユニットEcoRI/15 $\mu$ l)、0.7%アガロースゲル電気泳動を行い、8.4kbのEcoRIフラグメントがpUCに挿入されていることを確かめた。さらに、サザン法により、このフラグメントがプローブと結合することを確かめた。このようにして得られたクローンpEco8.4のDNAを精製し、0.5 $\mu\text{g}$ をSau3AIで完全分解し(50mM $\text{Tris-HCl}$ (pH7.5), 50mM $\text{NaCl}$ , 7mM $\text{MgCl}_2$ , 4ユニットSau3AI/15 $\mu$ l中, 37℃, 2時間)、0.7%アガロースゲル電気泳動によりDNAフラグメントを分離した。1.6kbフラグメントを含むアガロース断片より、

GeneClean™により、DNAを10 $\mu$ l TEに回収した。

これをBamHIで切断したpUC19と連結反応させ、反応液の5 $\mu$ lを用い、大腸菌MV1184を形質転換した。形質転換した大腸菌をX-Gプレートにまき、コロニーを形成させた。発色しないコロニーのDNAをミニプレパレーションで調製し、分析を行った。5 $\mu$ l DNAをEcoRIとHindIIIで切断したものの(5ユニットEcoRI, 5ユニットHindIII)、及び6ユニットSphIで切断したものをそれぞれゲル電気泳動で分析し、前者においては1.6kbのフラグメント、後者においては、1.0kbフラグメントを生ずるクローンを選別した。このようにして得られたクローン、pSau1.6のDNAを調製し、以下の実験に用いた。

DNA 5 $\mu\text{g}$ をSmaIとSacIで切断した(10mM $\text{Tris-HCl}$ (pH7.5), 20mM $\text{KCl}$ , 7mM $\text{MgCl}_2$ , 20ユニットSmaI, 20ユニットSacI/50 $\mu$ l, 37℃, 2時間)。反応終了後、フェノール/クロロホルムで抽出し、エタノール沈澱によりDN

Aを回収した。DNA沈澱を50  $\mu$ lのExo III緩衝液(50 mM Tris-HCl (pH 8.0), 100 mM NaCl, 5 mM MgCl<sub>2</sub>, 10 mM 2-メルカプトエタノール)に溶した。もう一本のチューブに50  $\mu$ lのMB緩衝液(40 mM 酢酸ナトリウム (pH 4.5), 100 mM NaCl, 2 mM ZnCl<sub>2</sub>, 10%グリセロール)を入れ氷中に置いた。DNA液に180ユニットのExo IIIスクレアーズ(宝酒造)を加え、37℃に保温した。酵素添加後30秒ごとに5  $\mu$ lをサンプリングし、MB緩衝液の入ったチューブに移した。サンプリング終了後、氷上のチューブを65℃、5分保温し、次に37℃に冷し、50ユニットのマング・ビンスクレアーズを加え、37℃、30分保温した。反応後、この液をTEで飽和させたフェノールで抽出し、エタノール沈澱でDNAを回収した。回収したDNAを30  $\mu$ lのTEに溶した。1  $\mu$ lをとり2  $\mu$ lの10Xライケーション液(500 mM Tris-HCl (pH 7.5), 100 mM MgCl<sub>2</sub>, 100 mM DTT, 10 mM ATP)を加え、16  $\mu$ lのTE、1  $\mu$ lのT4DNAリガーゼ(350ユニット/ $\mu$ l)を加え、16℃で一夜保温し

た。次に、70℃にて10分間保温し、リガーゼを失活させた後、0.2 M KClを2  $\mu$ l、Sma Iを1  $\mu$ l(10ユニット/ $\mu$ l)加え、37℃、1時間保温した。次に70℃にて5分間保温し、氷中に移した。

これを用い、MV1184を形質転換させ、形質転換体を一夜37℃で培養し、コロニーを形成させた。コロニーからDNAを調製し、欠失変異が生じているクローンを検出した。次に、欠失の起こっているクローンの一本鎖ファージDNAを調製した。ファージDNAは、7-DEA2Aージデオキシ・シークエンシングキット(宝酒造)を用い、メーカーマニュアルに従い、配列決定を行い、ATGより上流-10 bpまで欠失したクローンpDE6-10を得た。pDE6-10のDNAを調製し、1  $\mu$ g DNAをEcoRIで完全消化し、100  $\mu$ lのTEに溶解させた。この溶液2  $\mu$ lに100 ngのXhoIリンカー(AATTGCTCGAGC)を加え、10  $\mu$ lの反応液中で連結反応させた(16℃、2時間)。70℃にて10分間保温し酵素を失活させ、1  $\mu$ lの0.5 M NaCl、

5ユニットのEcoRIを加え、37℃30分間保温した後、これを用いて、大腸菌MV1184を形質転換させた。得られたコロニーからDNAを調製し、EcoRIで切断されず、XhoIで切断されるクローンを選別した。このようにしてpDE6-10(Xho)(プロモーターカセットベクター)を得た。

このベクターpDE6-10(Xho)を含有する大腸菌 *Escherichia coli* MV1184/pDE6-10(Xho)は工業技術院微生物工業技術研究所に微工研第10311号(FERM P-10311)として寄託されている。

#### 実施例6. 酵母ADHIターミネーター配列のクローニング(第4図)

pEC08.4 1  $\mu$ gを4ユニットのBamIで切断した(10 mM Tris-HCl (pH 7.5), 7 mM MgCl<sub>2</sub> / 20  $\mu$ l, 37℃, 1時間)。次に、1 M NaClを3  $\mu$ l加え、4ユニットのSphIを加え、1時間37℃に保温した。反応後0.7%アガロースゲル電気泳動を行い、1 kbのフラグメントを分離し、Gene CleanでDNAを抽出した。回収したDNAを、SphIとSmaIで切断したpUC118と連結反応させ、

MV1184を形質転換させた。形質転換クローンからDNAを調製し、フラグメントの挿入されたクローンを検した。このDNAを調製し、1  $\mu$ g DNAをSphI及びHindIIIで切断し(1XEcoRI緩衝液、4ユニットSphI, 12ユニットHindIII)、1.2%アガロースゲル電気泳動を行い、0.33 kbフラグメントを単離し、そしてGene CleanによりDNAを抽出した。これを、プラスミドpMHTV-PL1をHindIII及びSphIにより二重消化して得られた5.7 kbフラグメント50 ngと連結反応(全反応溶液量20  $\mu$ l)させた。

反応後、大腸菌JM107を形質転換させ、アンピシリンを含むレープレート(L-aapプレート)上でコロニーを形成させた。コロニーよりDNAを調製し、制限酵素分析により挿入DNAを調べ、目的とするフラグメントが挿入されたクローンを得た。そのクローンからDNAを調製し、その0.5  $\mu$ gをHindIIIで切断した。70℃5分保温して、氷上に移し、1  $\mu$ lの1 mM dXTP (dATP, dGTP, dCTP, dTTPを各々1 mM含む)、と2ユニットのDNAポ

リメラーゼ(Klenow フラグメント)〔宝酒造〕を加え、37℃で30分間保温した。フェノール・クロロホルムで除蛋白後、DNAをエタノールで沈殿させた。DNAを10 $\mu$ lの1 $\times$ ライゲーション液に溶かし、350単位のT4DNA リガーゼを加え、16℃で一晩保温した。70℃で10分間処理し、リガーゼを失活させた後、0.5MNaClを1.2 $\mu$ l、HindⅢを12ユニット加え、37℃で30分間処理した。これを用い、大腸菌 JM107を形質転換させた。L-amp プレートに形成されたコロニーの一部をL-amp 液体培地(L-ampプレートから寒天を除いたもの)中で培養し、得られた菌体からDNAを調製し、HindⅢサイトが失われたものを得た。DNAを調製し、0.5 $\mu$ gDNAを4ユニットのBamHⅠ、12単位のSphⅠで切断した(10mMTris·HCl (pH7.5), 150mMNaCl, 7mMMgCl<sub>2</sub>)。1.4%アガロースゲル電気泳動で、0.34kbのDNAフラグメントを分離し、Gene CleanでDNAを10 $\mu$ lのTEに回収した。これを30ngのpAT153を、BamHⅠ及びSphⅠで切断して得た3.5kbフラグメ

ントとで連結反応させた。

反応液で大腸菌JM107を形質転換させ、L-ampプレートにコロニーを形成させた。コロニーの一部をL-amp 液体培地中で培養し、得られた菌体からDNAを調製し、0.42kbのサイズのBamHⅠ-SalⅠ二重消化物(DNAフラグメント)を与えるクローンをさがした。得られたDNA0.5 $\mu$ gを、BamHⅠ及びSalⅠで切断し、1.4%アガロースゲル電気泳動により、0.42kbフラグメントを分離し、Gene Cleanにより5 $\mu$ lのTEに回収した。これを、BamHⅠ-SalⅠで切断した10ngのpUC-119と連結反応させた。反応液1 $\mu$ lを用い、大腸菌MV1184を形質転換させ、XCプレートにまき、コロニーを形成させた。白色のコロニーより、DNAを調製し、フラグメントの挿入されたものを得た(pUC-ATE; ターミネーターカセット・ベクター)。

このベクターpUC-ATEを含有する大腸菌 *Escherichia coli* MV1184(pUC-ATE)は工業技術院微生物工業技術研究所に微工研菌寄第10310号(FERM P-10310)として寄託されている。

#### 実施例7. 酵母用発現ベクターの作製

##### (サンドイッチベクター)(第5図)

プロモーターカセットベクターpDE6-10(Xho)0.5 $\mu$ gをHindⅢ及びXhoⅠで切断し、0.7%アガロースゲル電気泳動により1.6kbのフラグメントを分離した。一方、pJDB-Neo0.5 $\mu$ gをHindⅢ及びXhoⅠで切断し、8kbフラグメントを分離した。両者を連結し大腸菌JM107に導入し、アンピシリン耐性コロニーを得た。コロニーよりDNAを得、挿入フラグメントを確認した(pAHG-10-Neo)。

pJDB-Neo0.5 $\mu$ gをBamHⅠ及びSalⅠで切断し、約8kbのフラグメントを分離した。一方1 $\mu$ gのpUC-ATEをBamHⅠ及びSalⅠで切断し、0.42kbのフラグメントを分離した。両者を連結し、形成されたプラスミドにより大腸菌JM107を形質転換させ、アンピシリン耐性コロニーを得た。これらのコロニーよりDNAを調製し、目的のプラスミドpJDB-Neo-ATEを有していることを確かめた。pJDB-Neo-ATE0.5 $\mu$ gをHindⅢ及びXhoⅠで切断し、約8kbのフラグメントを得た。一方、pDE-6-10(Xho)

より、1.6kbのHindⅢ-XhoⅠフラグメントを回収した。両者を連結し、形成されたプラスミドにより大腸菌JM107を形質転換させた。アンピシリン耐性コロニーのDNAを調べ、目的のプラスミド(pAHG-10-Neo-ATE)を有しているクローンを見つけた。

このベクターを含有する大腸菌 *Escherichia coli* JM107/pAHG-10-Neo-ATEは工業技術院微生物工業技術研究所に微工研菌寄第10309号(FERM P-10309)として寄託されている。

#### 実施例8. 発現プラスミドの作製(第6図)

前記の様にして調製した、Neo遺伝子の上流にADHプロモーターを有し、そしてNeo遺伝子の下流にADHターミネーターを有するプラスミドpAHG-10-Neo-ATEをXhoⅠ及びBamHⅠにより二重消化することによりNeo遺伝子が除去されたベクターフラグメントを得た。他方、ヒト血清アルブミンAのcDNAを含有するプラスミドpUC-X-HSA-A(実施例3)をXhoⅠ及びBamHⅠで二重消化し、人工リーダー配列を含むブレブプロヒト血清

アルブミンAのcDNA及びポリAを含有するフラグメントを得た。これらをT4 DNAリガーゼにより連結することにより、発現プラスミドpJDB-ADH-HSA-Aを得た。

このプラスミドを含有する酵母*Saccharomyces cerevisiae* AH22/pJDB-ADH-HSA-Aは工業技術院微生物工業技術研究所に微工研菌寄第10307号(FERM P-10307)として寄託されている。

#### 実施例9. 発現プラスミドによる酵母宿主の形質転換

発現プラスミドによる酵母菌の形質転換は基本的には橋本英明、木村光〔発酵と工業43, 630-637(1985)〕のKUR法に従い、少し改良した方法によって行った。まずYPD培地(2%ポリペプトン(Difco)、1%酵母エキス(Difco)、2%グルコース)5mlにAH22株(MATa, leu2-3, leu2-112, his4-S19, Can1)のYPD培地による一晚培養液0.1mlを加え30℃で約4時間(濁度がOD 600で0.5に達するまで)振盪培養を行った。4℃で2,000rpm、5分間の遠心を行い集菌し、菌体を

5.0mlの0.1M LiSCNに懸濁し、そのうち1.5mlを分取し、2,000rpm、5分間または10,000rpm、1分間の遠心で集菌した。得られた菌体を2M LiSCN 10ml、50%PEG4000 46mlに再懸濁し、そこに10mlのDNA溶液(5~10μgのDNAを含む)を加え、30℃で一晩保温する。その懸濁液に1mlの滅菌蒸留水を加えゆるくボルテックスミキサーにて振盪する。次に2,000rpm、5分間または10,000rpm、1分間の遠心を行い、得られた菌体を100μlの滅菌蒸留水に再懸濁し、選択用の寒天培地〔SD培地: 20μg/ml アデニン硫酸塩、20μg/ml アルギニン塩酸塩、20μg/ml メチオニン、20μg/ml ヒスチジン塩酸塩、20μg/ml トリプトファン、20μg/ml ウラシル、30μg/ml イソロイシン、30μg/ml 塩酸塩リジン、30μg/ml チロシン、50μg/ml フェニルアラニン、150μg/ml バリン、0.15% アミノ酸不含イースト・ニトロゲン・ベース(Difco)、0.5% 塩酸アンモニウム、2% デキストロースに1.5%の寒天を加えたもの〕にまいた。生じたコロニー(Leu<sup>+</sup>)を

SD培地5mlに懸濁し、2日間30℃で振盪培養した。2,000rpm 5分間、4℃での遠心により集菌し、菌体を0.5mlの1M ソルビトールに再懸濁し、遠心後、菌体を0.5mlの1M ソルビトール、0.1% 2-メルカプトエタノール、400μg/ml のザイモリエース(Zymolyase-100T 生化学工業)に再懸濁した。30℃で30分間保温後生成したスフエロプラストを遠心(2,000rpm、5分間)して集め、100μlの溶液I(50mM グルコース、10mM EDTA、25mM Tris・HCl(pH8.0))に再懸濁し、次に200μlの溶液II(0.2N NaOH、1% SDS)を加え、よく混合した後、氷上に5分間放置した。150μlの5M 酢酸カリウムを加え、よく混合し氷上に10分間放置した後、15,000rpm、5分間、4℃での遠心を行い、得た上清を新しいチューブに移した。等量のフェノール/クロロホルム(1:1混合液)を加え激しく攪拌し、遠心(12,000rpm、5分間)して得た水層を新しいチューブに移し、750μlのエタノールとボルテックスミキサーを用いてよく混合した。混合液を15,000rpm、5分間

遠心し、得られた沈澱に0.5mlの70%エタノールを加えボルテックスミキサーを用いて振盪した後、15,000rpm、5分間の遠心で沈澱を回収した。このDNAの沈澱を真空中で減圧乾燥し、次に30μlのTE緩衝液に溶解した。プラスミドpJDB-ADH-HSA-Aを含むAH22の形質転換株から得られたDNA標品を各種酵素(たとえばHindⅢ, XhoⅠ, EcoRⅠ, BamⅠ, SalⅠなど)単独または、組合せにより制限酵素分解し、得られたフラグメントをアガロースゲル電気泳動、ポリアクリルアミドゲル電気泳動法で分析することによりプラスミドの構造を確認した。

#### 実施例10. 形質転換体によるヒト血清アルブミンAの生産(第7図)

SD(-Leu)培地上に生じた単一のコロニーを5.0mlの新鮮なSD(-Leu)培地に懸濁し、30℃で2日間振盪培養し、OD<sub>600</sub>が約2.0になった時点で培養液の0.1mlを5.0mlのYPD培地に加えた。これを24時間30℃で、OD<sub>600</sub>が約3.0になるまで培養した。培養液を5,000rpm、10分間、4℃

で遠心し、上清画分を回収した。上清画分に等量の99%エタノールを加え、混合した後30分間4℃に放置した。次に12,000rpm、10分間、4℃で遠心し、沈澱物を得た。この沈澱物を100μlの1×ローディング(Loading)緩衝液(5%2-メルカプトエタノール、0.0025%プロモフェノールブルー、2%SDS、0.025M Tris-HCl、8%グリセロール)に溶解し、そのうち10μlを電気泳動ゲル(SDS-ポリアクリルアミドゲル:4~20%濃度勾配ゲル84(幅)×90(高さ)×1.0(厚み)(単位はmm))に重層して分析した。泳動は泳動緩衝液(0.025M Tris-HCl(pH8.4)、0.192Mグリシン、0.1%SDS)を用い、60mAの定電流下60分間行った。同時に泳動したマーカーは卵白リゾチーム(分子量14,400)、トリブシンインヒビター(分子量21,500)、炭酸脱水酵素(分子量31,000)、オバルブミン(分子量45,000)、子牛血清アルブミン(分子量66,200)、ホスホリラーゼB(分子量92,500)(全てBIO-RAD社製)であった。泳動終了後、常法に従いクマシ

ー・ブリリアント・ブルーにより染色し、または以下に示すようにウエスタンブロッティング後免疫検出を行った。泳動後、分離された蛋白質をSartorius社製のセミドライブロッカーを用いてニトロセルロースフィルター(BIO-RAD社)に移した。フィルターを、1時間メタノールに浸した後、5分間25mMTris-HCl(pH10.4)/20%メタノールに浸し泳動ゲルと密着させた。これを上記緩衝液、及び20%メタノールを含む0.3M Tris-HCl(pH10.0)と25mMTris-HCl(pH9.4)/40mM6-アミノ-n-カプロン酸等の緩衝液に各々浸したろ紙ではさみブロッカーに装着した。6Vの定電圧を約1.5時間かけた後、フィルターを3%ゼラチンを含む20mMTris-HCl(pH7.5)/500mM NaCl(TBS)溶液中で37℃、1時間振盪した後TBS/0.05%Tween-20中で5分間振盪することによりペーパーを洗浄した。次に抗ヒト血清アルブミンウサギ抗体(カッペル社)を1%ゼラチンを含むTBSで2,000倍に希釈した溶液40μl中でペーパーを室温で1晩振盪した。ペー

パーを0.05%のTween-20を含むTBS(pH7.5(T-TBS))で5分間振盪しながら洗浄した。この操作をもう一度繰り返した後第二抗体(西洋ワサビペルオキシダーゼで標識したヤギ抗ウサギIgG抗体、BIO-RAD社製)を1%ゼラチンを含むTBSで3,000倍に希釈した溶液40μl中でペーパーを室温で1時間振盪した。次にT-TBSで5分間ずつ2回およびTBSで5分間1回上述のように洗浄した。当該バンド(HSA)の検出は4-クロロナフトール30μgを10μlのメタノールに溶かした溶液とTBS50μl、30%過酸化水素30μlを混ぜた溶液に浸漬することにより行い、発色反応は蒸留水で希釈することにより停止させた。結果を第7図に示す。図中、(A)はSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動の後クマシ-ブリリアント・ブルーで染色したものであり、左側が分子量マーカーで右側が酵母で産生・分泌されたヒト血清アルブミンを含む試料の結果であり、(B)はSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動の後、ウエスタンブロッティングを行い抗ヒト血清アル

ブミン抗体と結合させ、ヒト血清アルブミン及びこのフラグメントを特異的に染色したものであって、左側が対照として用いた精製ヒト血清アルブミンで右側が酵母で産生・分泌されたヒト血清アルブミンを含む試料についての結果である。

#### 実施例11. 酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンAとヒト血清から調製した正常ヒト血清アルブミンAとの生化学的同等性

##### (1) 分子量

酵母菌培養液より単離した正常ヒト血清アルブミンA試料を2-メルカプトエタノールで還元し、そしてSDS処理を施した後に、SDS中12%から30%のポリアクリルアミド濃度勾配ゲルに添加し、Laemmli, U.K. (1970) Nature, 227, 680-685に記載の条件で電気泳動を行った。分子量標準としてホスホB(分子量94,000)、牛血清アルブミン(分子量67,000)、オバルブミン(分子量43,000)、炭酸脱水酵素(分子量30,000)、大豆トリブシンインヒビター(分子量20,000)及びラクトアルブミン(分子量14,400)を使用し、ク

マシー・ブリリアント・ブルー染色により蛋白質の検出を行った。ヒト血清より精製された市販の血清アルブミンを対象として同時に泳動し、酵母により分泌されたアルブミンとその移動度を比較した。その結果、酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンAとヒト血清から精製されたヒト血清アルブミンは、ともに同じ移動度を示し、分子量67,000であった。この結果を第12図に示す。

## (2) 電気的挙動

### (Nativeゲル電気泳動)

酵母菌培養液より単離した正常ヒト血清アルブミンA試料をそのまま、上記と同じ12%から30%のポリアクリルアミド濃度勾配ゲルであるがSDSを除いたゲルに添加し、SDSを除いた上記の条件で電気泳動を行った。蛋白質のバンドを、クマシー・ブリリアント・ブルー染色によって検出した。ヒト血清より精製された市販のヒト血清アルブミンを対象として同時に泳動し、酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンAとの電気泳動ゲルでの挙動を比較した。SDSを除いたNativeゲ

ル電気泳動においても、酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンAは、ヒト血清より精製されたヒト血清アルブミンモノマーと同じ挙動を示した。この結果を第13図に示す。

### (等電点電気泳動)

等電点電気泳動は、LKB社製Ampholine PAG plate pH範囲3.5-9.5を用い、同社のマニュアルに添って行った。等電点標準として、同社PIマーカー；C-フィコシアニン(pI4.75,4.85)、アズリン(pI5.65)、トリフルオロアセチルミオグロビン(ブタpI5.9)、ミオグロビン(ブタ、pI6.45)、ミオグロビン(ウマ、pI7.3)、ミオグロビン(クジラ、pI8.3)及びチトクロムC(pI10.6)を使用した。酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンAは、ヒト血清から精製されたヒト血清アルブミンと同様にpI4.9の主要バンドとpI4.7,4.65の二本のマイナーバンドに分離した。

この結果を第14図に示す。

## (3) 免疫化学的性質

免疫拡散を、Ouchterlony, Ö. Progr. Allergy,

6(1962)30、に記載の条件で行った。沈降線形成後生理食塩水で脱蛋白質を行った後、クマシー・ブリリアント・ブルーにより沈降線の染色を行った。用いた抗血清は、Cappel社より入手したウサギ抗-ヒト血清アルブミン抗血清及びベル・フリーズ社よりのヤギ抗-ヒト血清アルブミン抗血清の二種類である。どちらの抗血清を用いた場合でも、酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンAはヒト血清より精製されたヒト血清アルブミンとは完全に融合した沈降線を形成し、この方法では抗原性における両者の違いはみられなかった。結果を第15図に示す。

## (4) アミノ末端側アミノ酸配列決定

酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンA 100 $\mu$ gを用い、アブライド・バイオシステム社製気相法プロテインシーケンサー477Aにより、同社のマニュアルに従ってアミノ酸配列の決定を行った。その結果以下に示すとおり、アミノ末端アミノ酸Aspより、32番目のGlnまでアミノ酸残基が同定され、すでに報告のあるヒト血清アルブミンの

アミノ末端から32番目までのアミノ酸配列と完全に一致していた。アミノ末端側アミノ酸の回収率より、用いた標品は、少なくとも93%はアミノ末端アミノ酸がそろっていると考えられる。この結果からは、不完全なプロセッシングによるプロ配列等の残存は認められなかった。

酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンAのアミノ末端側アミノ酸配列はAsp-Ala-His-Lys-Ser-Glu-Val-Ala-His-Arg-Phe-Lys-Asp-Leu-Gly-Glu-Glu-Asn-Phe-Lys-Ala-Leu-Val-Leu-Ile-Ala-Phe-Ala-Gln-Tyr-Leu-Gln

## (5) HPLC上の挙動

### (逆相カラムクロマトグラフィー)

高速液体クロマトグラフィー装置は、アブライド・バイオシステムズ社製130Aセパレーションシステムを使用し、Aquapore RP-300 カラム(2.1 mm I.D.  $\times$  30 mm)によって分離を行った。カラムは、0.1%トリフルオロ酢酸で平衡化を行い、蛋白質の溶出は、0.1%トリフルオロ酢酸を含むアセトニトリルの濃度勾配溶出法によって行った。濃度

勾配は、アセトニトリル濃度0%から100%までの直線濃度勾配を45分間の間で形成することによって行った。この時の流速は200 ml/minである。

この条件で、酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンAは単一の鋭いピークとして得られ、ヒト血清から精製されたヒト血清アルブミンのピークとカラム上での保持時間及びピークの形において区別できなかった。さらに、これら二つのヒト血清アルブミンを混合し、同カラムで溶出した場合でも、単一の鋭いピークとして得られ、二つのアルブミンの逆相カラム上での挙動は、まったく同一であった。

この結果を第16図に示す。図中、Aはヒト血清より精製されたヒト血清アルブミン、Bは酵母菌産生正常ヒト血清アルブミンA、そしてCはヒト血清由来ヒト血清アルブミンと酵母産生正常ヒト血清アルブミンAとの混合物の逆相カラムクロマトグラフィーの結果である。

この結果を第17図に示す。図中Aは酵母培養液濃縮分画、Bはヒト血清からの精製ヒト血清アルブミンのハイドロキシアパタイトクロマトグラフィーの結果を示す。

#### 参考例1. 正常ヒト血清アルブミンA cDNAを含むクローンのスクリーニング (第8図)

正常ヒト血清アルブミンA cDNAを含むクローンのブランクハイブリダイゼーションによるスクリーニングのため米国CLONTECH社の $\lambda$ gt11をベクターとして作成されたヒト肝cDNAライブラリーを用いた。 $\lambda$ gt11組換え体ファージを大腸菌Y1090を宿主として感染させ、形質転換ブランク計 $5.5 \times 10^3$ 個をLB寒天培地上に形成させ組換えDNAをメンブランフィルター(Amersham社Hybond-N)に移した後、 $^{32}$ P放射性同位元素で標識した合成オリゴヌクレオチド3種(比活性 $\geq 10^7$  cpm/μg)をプローブとして用いスクリーニングした[Benton及びDavis Science 196, 180-182 (1977)]。この3種のプローブは各々Lawnら[Nucleic Acids Res 9, 6103-6114(1981)]に

(ハイドロキシアパタイトクロマトグラフィー)

高速液体クロマトグラフィー装置として島津製作所社製SCL-6A, LC-6Aシリーズシステムを使用し、東亜燃料工業製高分離分析用ハイドロキシアパタイトカラムTAP5-020810 (7.5 mm I.D×10cm)によって分離を行った。溶出は、10mMリン酸緩衝液/0.05%アジ化ナトリウムから0.3Mリン酸緩衝液/0.05%アジ化ナトリウムへの直線濃度勾配を30分間で形成させるように行った。この時の流速は1 ml/minである。試料としては、酵母培養分泌液をDEAE-Sepharose CL-6Bで濃縮したものを、40%飽和の硫酸沈殿で得られた上清を、さらに60%飽和の硫酸で沈殿させたものを用いた。酵母産生正常ヒト血清アルブミンAのピークの溶出時間は11.5分であり、その溶出時間は、ヒト血清より精製されたヒト血清アルブミンの溶出時間と一致していた。したがって、ハイドロキシアパタイトカラム上での挙動においても、酵母産生正常ヒト血清アルブミンAは、ヒト血清由来のものと区別できなかった。

よって報告されたヒト血清アルブミンcDNAの配列のうち5'非翻訳領域(翻訳開始のATGコドンより12ヌクレオチド上流からATGコドンの前のヌクレオチドまでの部分)と翻訳領域(アミノ末端のメチオニンコドンすなわちATGより9番目のアミノ酸ロイシンをコードする部分)を含むもの(HSA-1)、248番目のグリシンから260番目のロイシンをコードするもの(HSA-2)、並びに576番目のバリンからカルボキシル末端585番目のロイシンをコードする部分とそれに続く6ヌクレオチドから成る3'非翻訳領域を含むもの(HSA-3)と同じ配列である。これらのプローブの塩基配列を第9図に示す。このプローブの合成は自動DNAシンセサイザーにより行い、標識は( $\gamma$ - $^{32}$ P)ATPとポリヌクレオチドキナーゼを用いて行った。HSA-2で陽性のシグナルを与えた200個の $\lambda$ gt11クローンのうち4個のクローンからDNAを調製[BlattnerらScience 202, 1279-1284(1978)]し、これをEcoRIで消化し、消化物のサザンブロットをHSA-2プローブと



ハイブリダイズさせた〔Southern, J. Mol. Biol. 503-517(1975)〕。ハイブリダイズしたフラグメントは3つのクローンから得られ各々1.8 Kb, 1.4 Kb, 1.3 Kbの長さであった。このうち1.8 Kbと1.3 Kbの長さのフラグメントをpUC 19ベクターにサブクロニングした。このサブクローンをHSA-1とHSA-3を各々プローブとしてコロニーハイブリダイゼーション〔Grunstein および Hogness Proc. Natl. Acad. Sci. USA 72, 3961-3965 (1975)〕によりスクリーンした。この結果HSA-3のみにハイブリダイズするクローン $\lambda$ gt11(HSA I-A)が得られた。このクローンの各種DNA断片を塩基配列決定用ベクターM13mp18 および mp19 RF-DNA 上に移し、ダイデオキシスクレオチドターミネーション法〔Sanger, F., Nicklen, S. および Coulson, A. R. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74, 5463-5467(1977)〕により塩基配列を決定した。一方HSA-2をプローブとして行った $\lambda$ gt11クローンのブランクハイブリダイゼーションにおいて陽性のシグナルを与えたクローンのうち20個に

ついてHSA-1をプローブとして再びブランクハイブリダイゼーションを行い、1個の陽性のシグナルを与えるクローン $\lambda$ gt11(HSA-Ⅱ)を得た。これからファージDNAを調製しEcoRI消化物についてHSA-1をプローブとして用いサザンハイブリダイゼーションを行い1.25Kbのフラグメント(HSA-Ⅱ)がプローブとハイブリダイズすることを確認した。このフラグメントの塩基配列をダイデオキシスクレオチドターミネーション法で決定した。HSA-ⅡはHSA-3プローブとは交雑しなかった。この結果HSA-Ⅱはカルボキシル末端側をコードする部分を欠きHSA I-Aはヒト血清アルブミンのアミノ末端側をコードする部分を欠き、さらに304番目のセリンをコードするコドン(TCA)が翻訳終止コドンのオーバーコドンTGAに変化していることがわかった。この2つのDNAフラグメントの制限酵素地図を第8図に示す。酵素認識サイトの正確な位置は最終的な塩基配列から得た。

第8図からわかるようにHSA I-AとHSAⅡの

2つのDNAを適当な位置(例えばXbaIやPstIサイト)で切断し互いに再結合すればシグナルペプチドやプロセシブ配列の結合したヒト血清アルブミンの前駆体タンパク質の全長をコードできるcDNAを構築することができる。

#### 参考例2. プラスミドpUC-HSA-CHの作製(第10図)

大腸菌アルカリ性ホスファターゼ(phoA)のシグナルペプチドと正常ヒト血清アルブミンAが融合したタンパク質をコードするDNAを含むプラスミドpUC-phoA-HSA-Aを次の様にして造成した。

ヒト肝cDNAライブラリーから得たHSAcDNAを含むクローン $\lambda$ gt11(HSA-Ⅱ)からEcoRIとXbaI消化によって生じるフラグメントを調製し、これをpUC 19プラスミドのEcoRIとXbaIとの二重消化物のうち大きな方のフラグメントとT4DNAリガーゼを用いて結合させ組換えプラスミドpUC-HSA-EXを構築した。

このプラスミドからAhaⅢとSalIの二重消化により生じる小さい方のフラグメントを精製した。このフラグメントは成熟正常ヒト血清アルブミン

Aタンパク質の12番目のLysから356番目のThrまでをコードする。成熟正常ヒト血清アルブミンAタンパク質をアミノ末端からコードする遺伝子を構築するために5'端に相当するDNA配列を、化学合成したフラグメント2本をアニールすることにより作成した。この合成DNA配列はアルカリ性ホスファターゼのシグナルペプチドをコードするDNA配列と融合できるようにHpaⅡ及びClaI酵素切断によって生じる粘着末端配列CGを5'端側に有し成熟正常ヒト血清アルブミンAタンパク質の1番目のアミノ酸Aspから11番目のアミノ酸Pheをコードする配列を有している。このアニールさせたDNA配列にT4ポリヌクレオチドキナーゼを作用させて5'端をリン酸化させたものと、pUC-HSA-EXから生じたAhaⅢ/SalI二重消化物とを混合し、さらにこれに大腸菌のマルチコピークローニングベクターの代表的なものの一つpAT 153(Amersham社製、Twigg, A. J. 及び Sherratt, D. Nature 283 216-218, 1980)のClaI/SalIの二重消化物のうち大きなフラ

グメントと混合しこの3者をT4 DNAリガーゼにより結合させ、組換えプラスミドpAT-HSA-CXを得た。このプラスミド上で正常ヒト血清アルブミンAの1位のアミノ酸Aspから11位のアミノ酸PheをコードするDNA配列がつながった。pAT-HSA-CXをEcoRI/XbaIで二重消化し、正常ヒト血清アルブミンAのAsp1~Phe356をコードするDNA配列を含む小さい方のフラグメントを得た。

一方HSA-Aのカルボキシル末端側をコードするcDNAは、ヒト肝cDNAライブラリーから得たクローンλgt11(HSAI-A)から外来cDNA配列の挿入されているEcoRIフラグメントを調製し、pUC18プラスミドのEcoRIサイトに挿入することにより組換えプラスミドpUC-HSA-I中にクローニングした。これよりHSA-Aの358番目のアミノ酸Leuからカルボキシル末端の585番目のLeuをコードし、さらに3'側の非翻訳領域62ヌクレオチドを含むXbaI/HindIIIの二重消化物を調製した。これをpAT-HSA-CXより得たEcoRI/XbaI二重消化物及びpUC18のEcoRI/HindIII二重消化物のうち大き

示す。

第6図は、発現プラスミドpJDB-ADH-HSA-Aの作製の過程を示す。

第7図は、ヒト血清アルブミンcDNAを含む形質転換体AH22(pJDB-ADH-HSA-A)の培養により産生された成熟HSAをSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動し、クマシー・ブリリアント・ブルー染色により検出したもの(A)及びウエスタンブロットニングにより検出したもの(B)を示す。

第8図はこの発明の正常ヒト血清アルブミンAの全体をコードするcDNA(HSACDNA)、並びにこのcDNAの造成に使用された、3'末端側をコードするcDNA(HSA-IA)及び5'末端側をコードするcDNA(HSA-II)の制限酵素地図を示す。

第9図は、ヒト血清アルブミンAのcDNAのスクリーニングに使用した3種のプローブの塩基配列を示す。

第10図は、プラスミドpUC-HSA-CHの作製の過程を示す。

第11-1図〜第11-3図は、ヒト血清アル

ブミンAの全体をコードするcDNAの塩基配列を示す。

第11-1図は、酵母産生正常ヒト血清アルブミンAとヒト血清由来ヒト血清アルブミンの分子置を、SDS中ポリアクリルアミド濃度勾配ゲル電気泳動によって比較した結果を示す。

#### 4. 図面の簡単な説明

第1図は、プラスミドpUC-X-HSA-Aの作製の過程を示す。

第2図は、プラスミドpJDB-Neoの作製の過程を示す。

第3-1図及び第3-2図は本発明のADH1プロモーターカセットベクターpDE6-10(Xho)の作製の過程を示す。

第4-1図及び第4-2図は、ADH1ターミネーターカセットベクターpUC-ATEの作製の過程を示す。

第5図は、酵母用発現ベクター(ADH1サンドイッチベクター)pAH6-10-Neo-ATEの作製の過程を

示す。

第12図は、酵母産生正常ヒト血清アルブミンAとヒト血清由来ヒト血清アルブミンの分子置を、SDS中ポリアクリルアミド濃度勾配ゲル電気泳動によって比較した結果を示す。

第13図は、酵母産生正常ヒト血清アルブミンAとヒト血清由来ヒト血清アルブミンのNativeポリアクリルアミド濃度勾配ゲル電気泳動における挙動を比較した結果を示す。

第14図は、酵母産生正常ヒト血清アルブミンAとヒト血清由来ヒト血清アルブミンとを等電点電気泳動において比較した結果を示す。

第15図は、酵母産生正常ヒト血清アルブミンAとヒト血清由来ヒト血清アルブミンとをOuchterlony法により比較した結果を示す。

第16図は、酵母産生正常ヒト血清アルブミンAとヒト血清由来ヒト血清アルブミンの逆相クロマトグラフィーにおける挙動を比較したものである。

第17図は、酵母產生正常ヒト血清アルブミンAとヒト血清由来ヒト血清アルブミンのハイドロキシパタイトクロマトグラフィーにおける挙動を比較した結果を示す。

特許出願人

東亜燃料工業株式会社

特許出願代理人

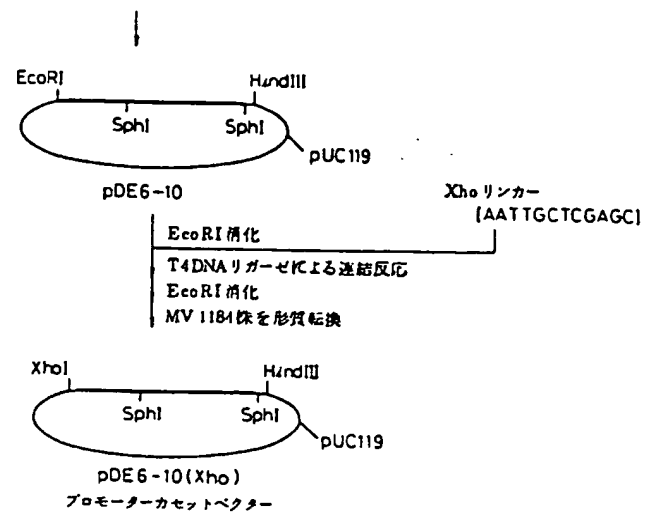
明 木 齋 理 弁

弁理士 石 田 敬

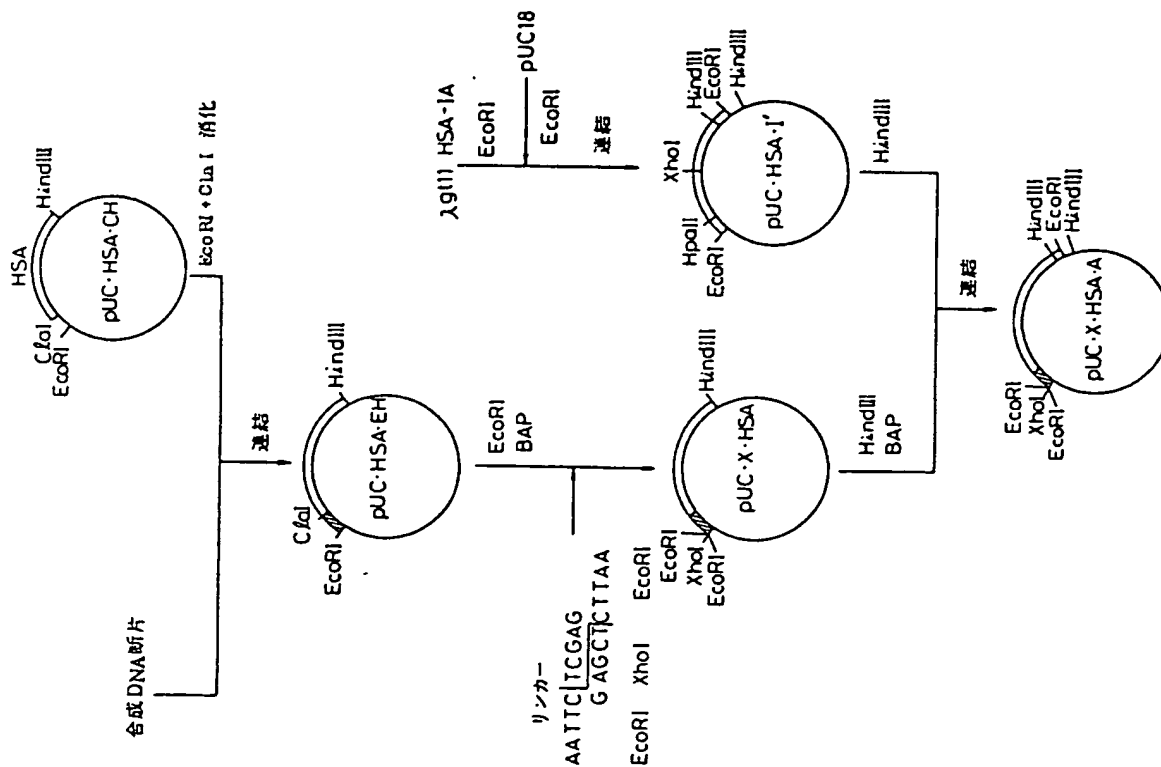
弁理士 堀 本 碩

弁理士 山口 昭 之

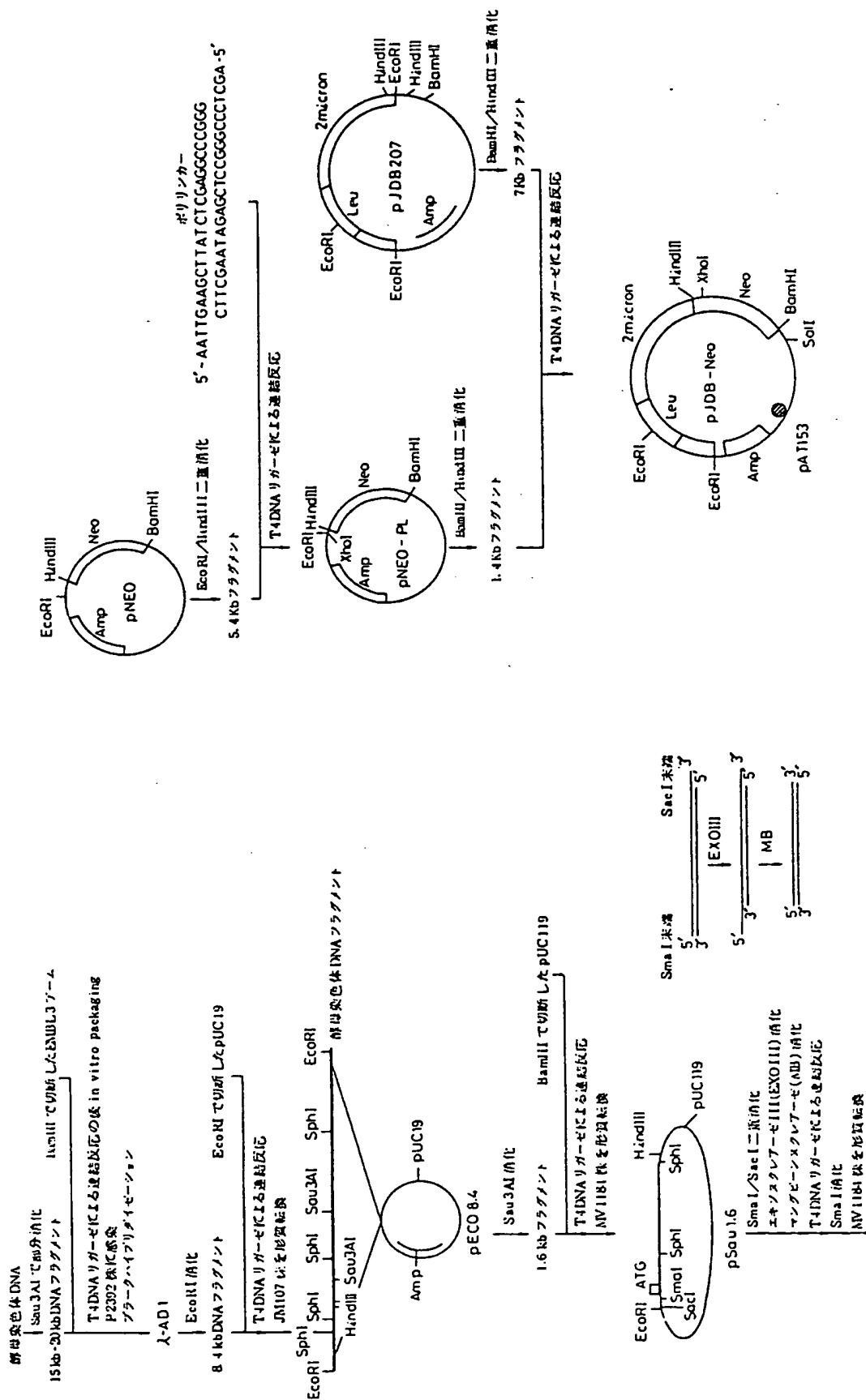
弁理士 西山 雅也



第 3-2 回

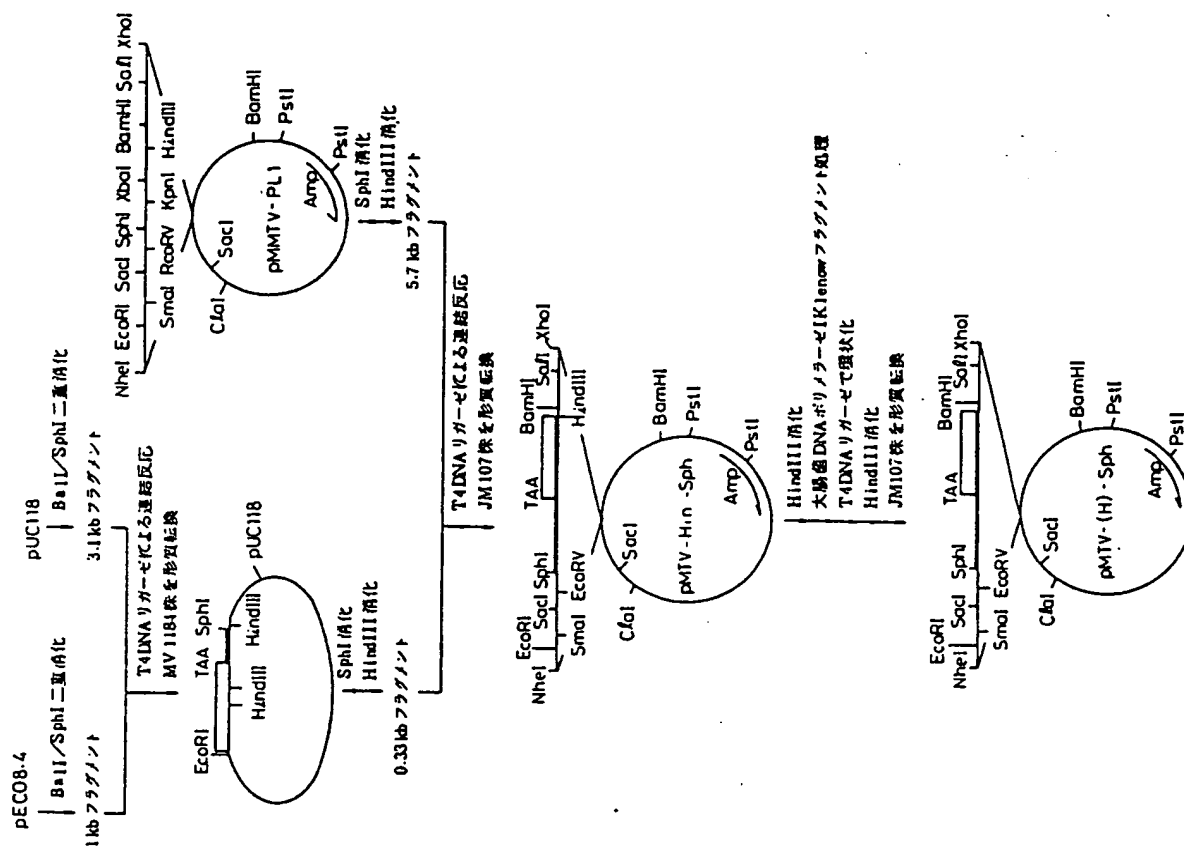


第一圖

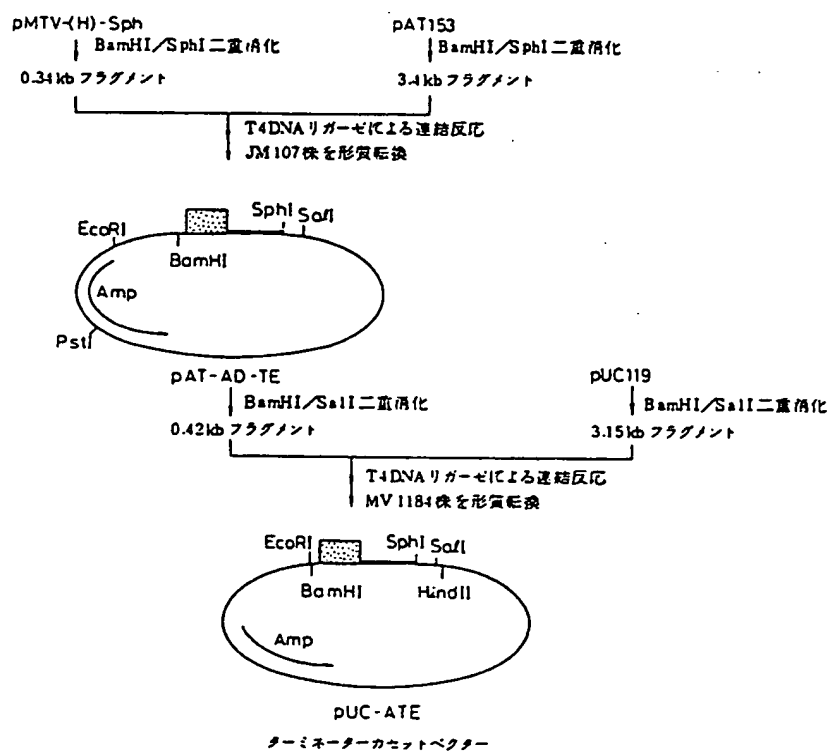


第2図

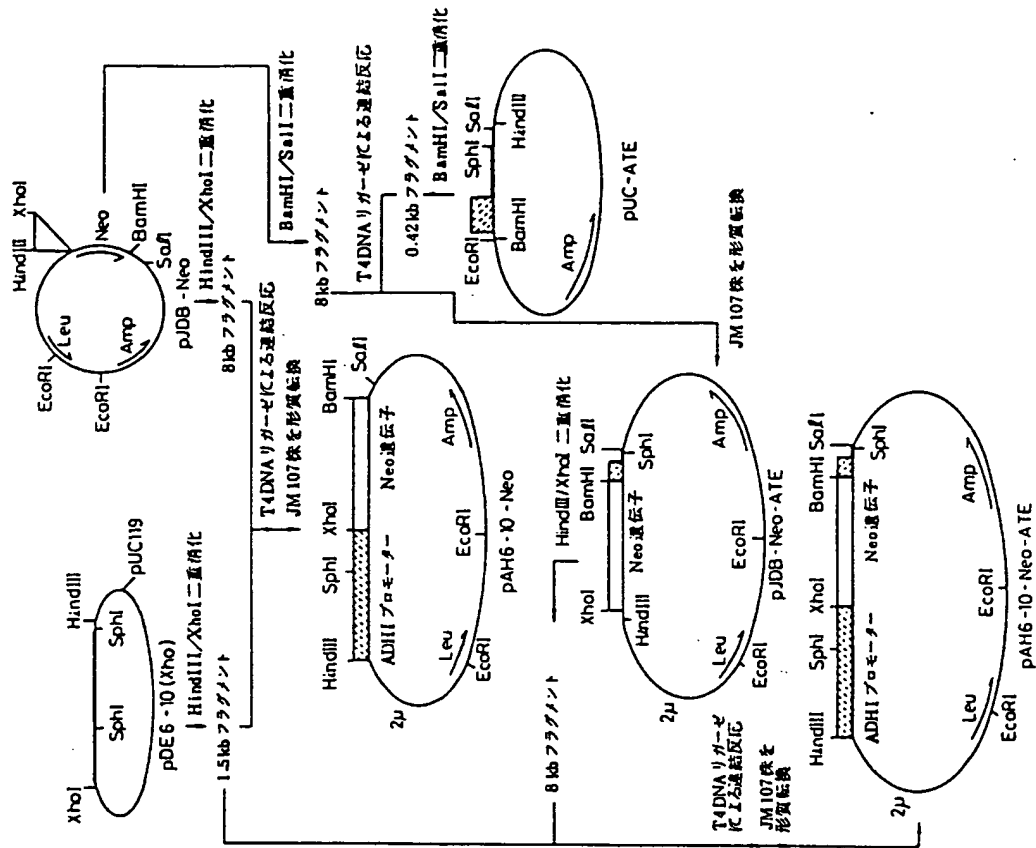
第3-1図



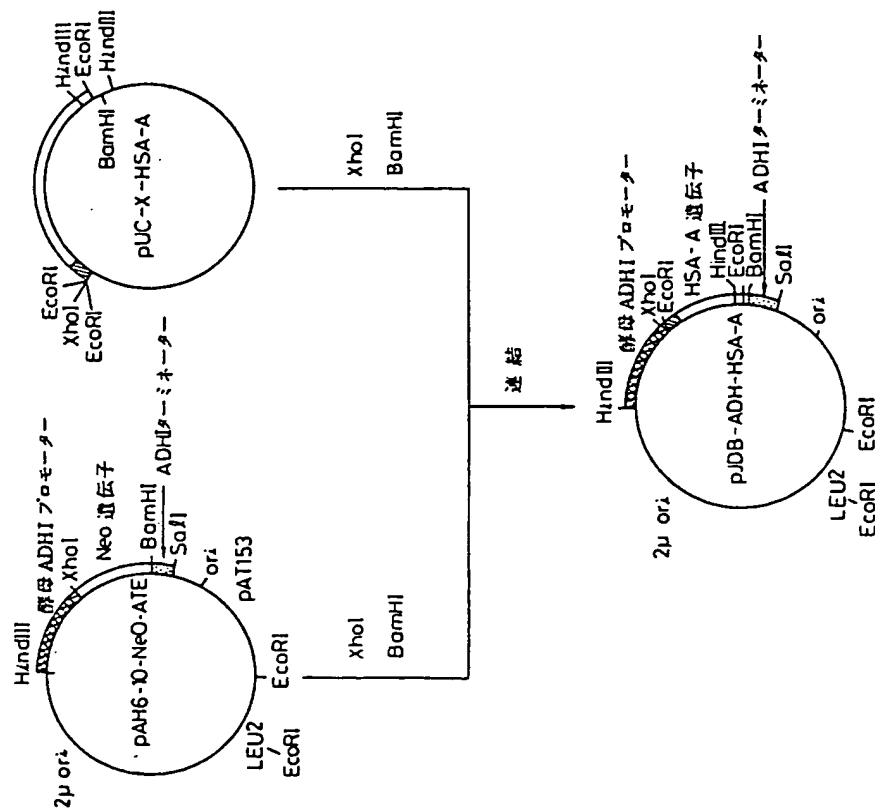
第 4-1 図



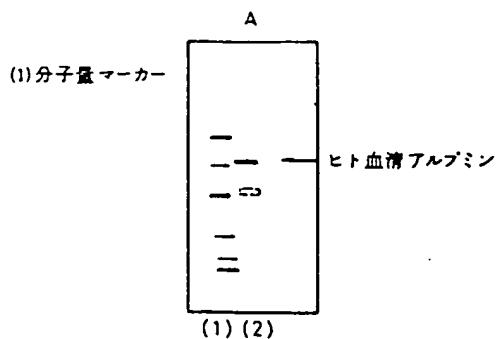
第4-2図



第 5 圖

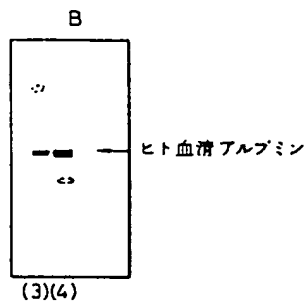


第 6 圖



HSA-1 5'-AAGGGAAATAAGGTTACCCACTTCATTGTGCCAAAGGC-3'  
5'-非翻訳領域～Met1～Leu9に相当する領域  
(12ヌクレオチド)

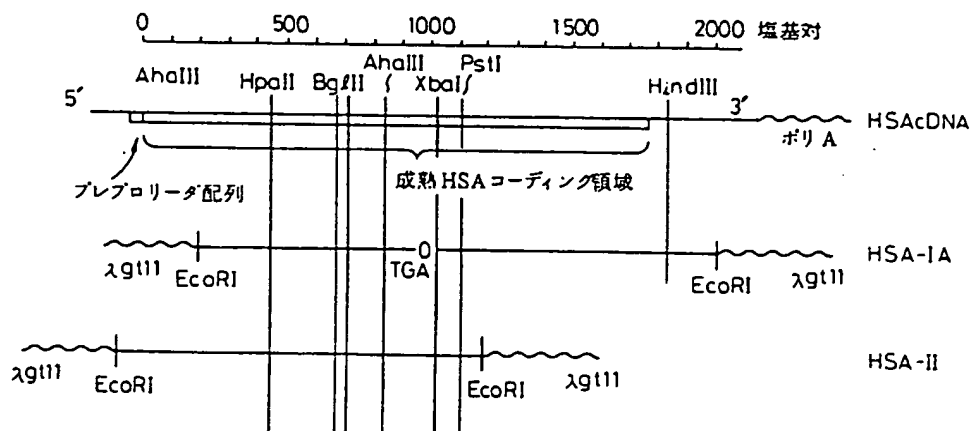
HSA-2 5'-AAGGTCCGCCCTGTCATCAGCACATTCAAGCAGATCTCC-3'  
Gly248～Leu260に相当する領域



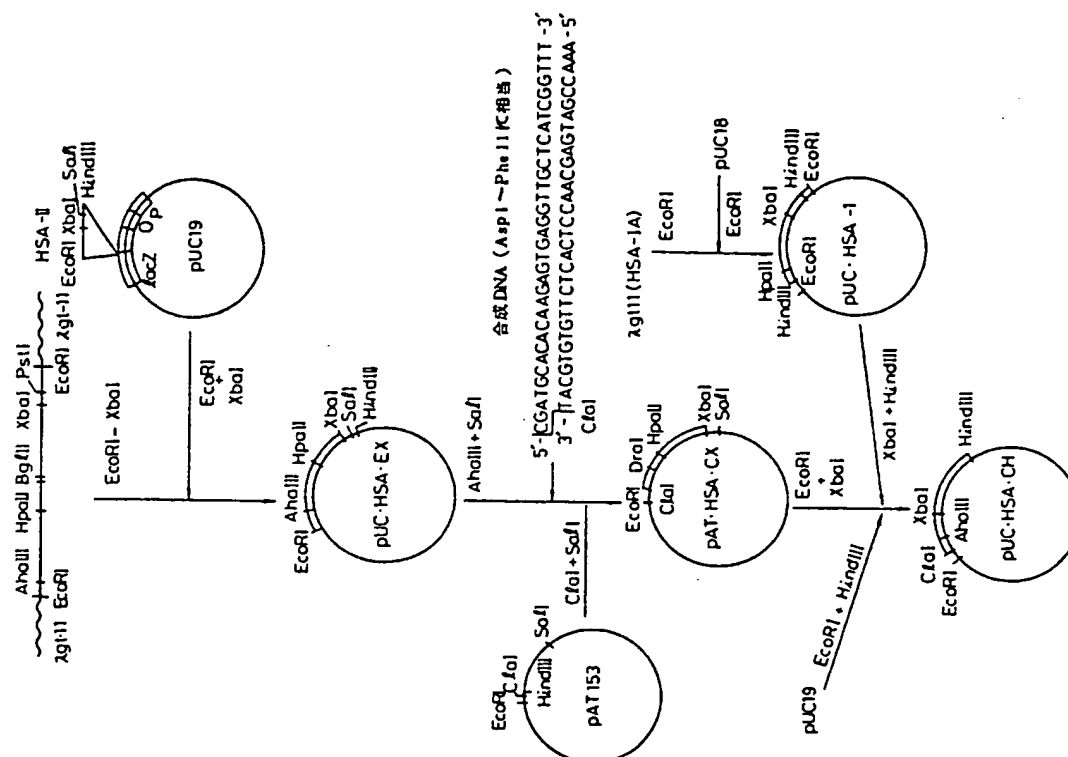
HSA-3 5'-TAGATGTTATAAGCCTAAGGCAGCTTGACTTGCAGCAAC-3'  
Val576～Leu585～3'非翻訳領域に相当する領域  
(6ヌクレオチド)

第9図

第7図



第8図



第10図

Asp Ala His Lys Ser Glu Val Ala His Arg Phe Lys Asp Leu Gly Glu Glu asn Phe Lys Ala Leu Val Leu Ile  
GAT GCA CAC AAG AGT GAG GTT GCT CAT CCG TTT AAA GAT TTG GGA GAA AAT TTC AAA GCC TTG GTG TTG ATT

Ala Phe Ala Gln Tyr Leu Gln Gln Cys Pro Phe Glu Asp His Val Lys Leu Val Asn Glu Val Thr Glu Phe Ala  
GCC TTT GCT CAG TAT CTT CAG CAG TGT CCA TTT GAA GAT CAT GTA AAA TTA GTG AAT GAA GTA ACT GAA TTT GCA

Lys Thr Cys Val Ala Asp Glu Ser Ala Glu Asn Cys Asp Lys Ser Leu His Thr Leu Phe Gly Asp Lys Leu Cys  
AAA ACA TGT GTT GCT GAT GAG TCA GCT GAA AAT TGT GAC AAA TCA CTT CAT ACC CTT TTT GGA GAC AAA TTA TGC

Thr Val Ala Thr Leu Arg Glu Thr Tyr Gly Glu Met Ala Asp Cys Cys Ala Lys Gln Glu Pro Glu Arg Asn Glu  
ACA GTT GCA ACT CTT CGT GAA ACC TAT GGT GAA ATG GCT GAC TGC TGT GCA AAA CAA GAA CCT GAG AGA AAT GAA

Cys Phe Leu Gln His Lys Asp Asp Asn Pro Asn Leu Pro Arg Leu Val Arg Pro Glu Val Asp Val Met Cys Thr  
TGC TTC TTG CAA CAC AAA GAT GAC AAC CCA AAC CTC CCC CGA TTG GTG AGA CCA GAG GTT GAT GTG ATG TGC ACT

Ala Phe His Asp Asn Glu Glu Thr Phe Leu Lys Lys Tyr Leu Tyr Glu Ile Ala Arg Arg His Pro Tyr Phe Tyr  
GCT TTT CAT GAC AAT GAA GAG ACA TTT TTG AAA AAA TAC TTA TAT GAA ATT GCC AGA AGA CAT CCT TAC TTT TAT

Ala Pro Glu Leu Leu Phe Phe Ala Lys Arg Tyr Lys Ala Ala Phe Thr Glu Cys Cys Gln Ala Ala Asp Lys Ala  
GCC CCG GAA CTC CTT TTC TTT GCT AAA AGG TAT AAA GCT GCT TTT ACA GAA TGT TGC CAA GCT GCT GAT AAA GCT

Ala Cys Leu Leu Pro Lys Leu Asp Glu Leu Arg Asp Glu Gly Lys Ala Ser Ser Ala Lys Gln Arg Leu Lys Cys  
GCC TGC CTG TTG CCA AAG CTC GAT GAA CTT CGG GAT GAA GGG AAG GCT TCG TCT GCC AAA CAG AGA CTC AAG TGT

第11-1図

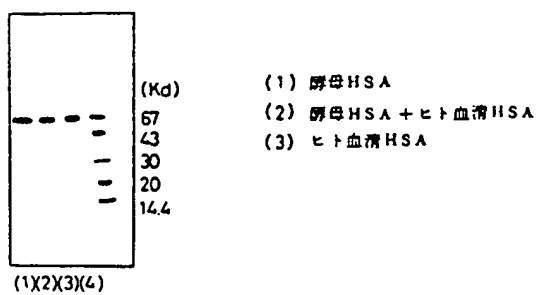


Ala Ser Leu Gln Lys Phe Gly Glu Arg Ala Phe Lys Ala Trp Ala Val Ala Arg Leu Ser Gln Arg Phe Pro Lys  
 GCC AGT CTC CAA AAA TTT GGA GAA AGA GCT TTC AAA GCA TGG GCA GTA GCT CGC CTG AGC CAG AGA TTT CCC AAA  
 250  
 Ala Glu Phe Ala Glu Val Ser Lys Leu Val Thr Asp Leu Thr Lys Val His Thr Glu Cys Cys His Gly Asp Leu  
 GCT GAG TTT GCA GAA GTT TCC AAG TTA GTG ACA GAT CTT ACC AAA GTC CAC ACG GAA TGC TGC CAT GGA GAT CTG  
 Leu Glu Cys Ala Asp Asp Arg Ala Asp Leu Ala Lys Tyr Ile Cys Glu Asn Gln Asp Ser Ile Ser Ser Lys Leu  
 CTT GAA TGT GCT GAT GAC AGG GCG GAC CTT GCC AAG TAT ATC TGT GAA AAT CAA GAT TCG ATC TCC AGT AAA CTG  
 300  
 Lys Glu Cys Cys Glu Lys Pro Leu Leu Glu Lys Ser His Cys Ile Ala Glu Val Glu Asn Asp Glu Met Pro Ala  
 AAG GAA TGC TGT GAA AAA CCT CTG TTG GAA AAA TCC CAC TGC ATT GCC GAA GTG GAA AAT GAT GAG ATG CCT GCT  
 Asp Leu Pro Ser Leu Ala Ala Asp Phe Val Glu Ser Lys Asp Val Cys Lys Asn Tyr Ala Glu Ala Lys Asp Val  
 GAC TTG CCT TCA TTA GCT GCT GAT TTT GTT GAA AGT AAG GAT GTT TGC AAA AAC TAT GCT GAG GCA AAG GAT GTC  
 350  
 Phe Leu Gly Met Phe Leu Tyr Glu Tyr Ala Arg Arg His Pro Asp Tyr Ser Val Val Leu Leu Leu Arg Leu Ala  
 TTC CTG GGC ATG TTT TTG TAT GAA TAT GCA AGA AGG CAT CCT GAT TAC TCT GTC GTG CTG CTG CTG AGA CTT GCC  
 Lys Thr Tyr Glu Thr Thr Leu Glu Lys Cys Cys Ala Ala Ala Asp Pro His Glu Cys Tyr Ala Lys Val Phe Asp  
 AAG ACA TAT GAA ACC ACT CTA GAG AAG TGC TGT GCC GCT GCA GAT CCT CAT GAA TGC TAT GCC AAA GTG TTC GAT  
 400  
 Glu Phe Lys Pro Leu Val Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu  
 GAA TTT AAA CCT CTT GTG GAA GAG CCT CAG AAT TTA ATC AAA CAA AAT TGT GAG CTT TTT GAG CAG CTT GGA GAG

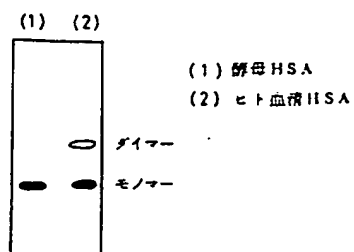
## 第11-2図

Tyr Lys Phe Gln Asn Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro Thr Leu Val Glu  
 TAC AAA TTC CAG AAT GCG CTA TTA GTT CGT TAC ACC AAG AAA GTA CCC CAA GTG TCA ACT CCA ACT CTT GTA GAG  
 450  
 Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly Ser Lys Cys Cys Lys His Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu  
 GTC TCA AGA AAC CTA GGA AAA GTG GGC AGC AAA TGT TGT AAA CAT CCT GAA GCA AAA AGA ATG CCC TGT GCA GAA  
 Asp Tyr Leu Ser Val Val Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys Thr Pro Val Ser Asp Arg Val Thr Lys  
 GAC TAT CTA TCC GTG GTC CTG AAC CAG TTA TGT GTG TTG CAT GAG AAA ACG CCA GTA AGT GAC AGA GTC ACA AAA  
 500  
 Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val Asn Arg Arg Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Lys  
 TGC TGC ACA GAG TCC TTG GTG AAC AGG CGA CCA TGC TTT TCA GCT CTG GAA GTC GAT GAA ACA TAC GTT CCC AAA  
 Glu Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys Thr Leu Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys Lys  
 GAG TTT AAT GCT GAA ACA TTC ACC TTC CAT GCA GAT ATA TGC ACA CTT TCT GAG AAG GAG AGA CAA ATC AAG AAA  
 550  
 Gln Thr Ala Leu Val Glu Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala Val Met Asp Asp  
 CAA ACT GCA CTT GTT GAG CTT GTG AAA CAC AAG CCC AAG GCA ACA AAA GAG CAA CTG AAA GCT GTT ATG GAT GAT  
 Phe Ala Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu  
 TTC GCA GCT TTT GTA GAG AAG TGC TGC AAG GCT GAC GAT AAG GAG ACC TGC TTT GCC GAG GAG GGT AAA AAA CTT  
 Val Ala Ala Ser Gln Ala Ala Leu Gly Leu End  
 GTT GCT GCA AGT CAA GCT GCC TTA GGC TTA TAA

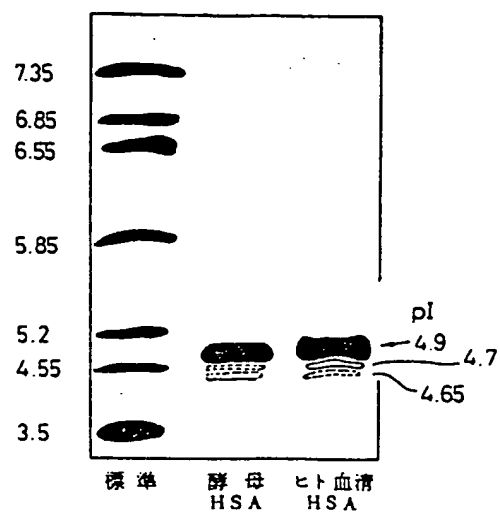
## 第11-3図



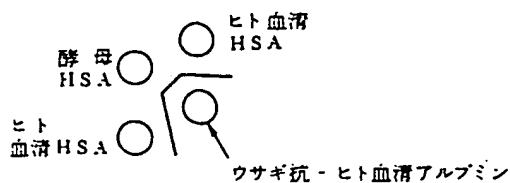
第 12 図



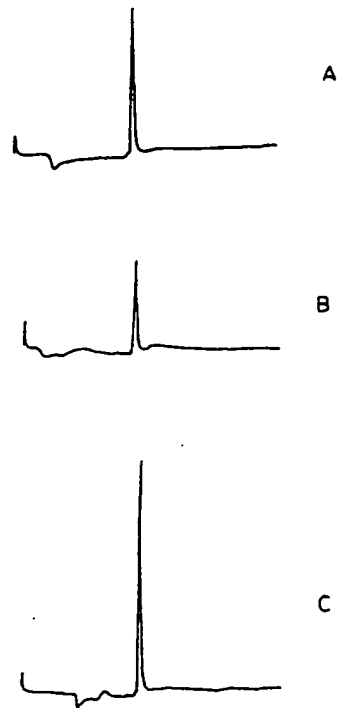
第 13 図



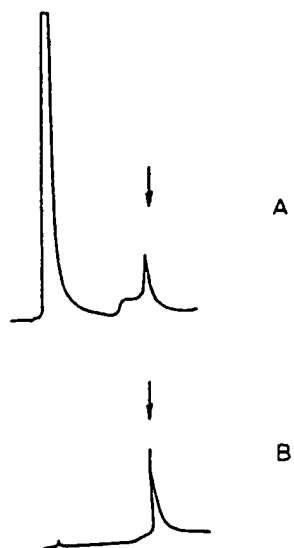
第 14 図



第 15 図



第 16 図



第 17 図

第 1 頁の続き

⑤Int. Cl.<sup>5</sup>

識別記号

庁内整理番号

//(C 12 N 1/19  
C 12 R 1:865)  
(C 12 P 21/02  
C 12 R 1:865)

手続補正書(自発)

平成1年2月9日

特許庁長官 吉田文毅殿

1. 事件の表示

昭和63年特許願第268302号

2. 発明の名称

酵母宿主によるヒト血清アルブミンAの製造

3. 補正をする者

事件との関係 特許出願人

名称 東亜燃料工業株式会社

4. 代理人

住所 〒105 東京都港区虎ノ門一丁目8番10号

静光虎ノ門ビル 電話 504-0721

氏名 弁理士(6579) 青木 朗

(外4名)



方式  
審査



5. 補正の対象

明細書の「発明の詳細な説明」の欄

6. 補正の内容

明細書第43頁第5行目～8行目「このプラスミドを……寄託されている。」を削除します。